

L2 ANSWER 1 OF 1 WPINDEX COPYRIGHT 2006 THE THOMSON CORP on STN
AN 1999-528981 [45] WPINDEX Full-text
DNC C1999-155765
TI Human nucleic acid sequences and protein products from tumor breast
tissue, useful for breast cancer therapy.
DC B04 D16
IN DAHL, E; HINZMANN, B; PILARSKY, C; ROSENTHAL, A; SCHMITT, A; SPECHT, T;
ROSENTHAL, A
PA (META-N) METAGEN GES GENOMFORSCHUNG MBH; (META-N) METAGEN PHARM GMBH
CYC 21
PI DE 19813839 A1 19990923 (199945)* 188 C07K014-435 <--
WO 9947669 A2 19990923 (199947) GE C12N015-12
RW: AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE
W: JP US
EP 1064379 A2 20010103 (200102) GE C12N015-12
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE
JP 2002506643 W 20020305 (200220) 506 C12N015-09
EP 1236799 A2 20020904 (200266) GE C12N015-12
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE
US 2003235915 A1 20031225 (200408) C12N015-85
ADT DE 19813839 A1 DE 1998-1013839 19980320; WO 9947669 A2 WO 1999-DE908
19990319; EP 1064379 A2 EP 1999-924683 19990319, WO 1999-DE908 19990319;
JP 2002506643 W WO 1999-DE908 19990319, JP 2000-536852 19990319; EP
1236799 A2 Div ex EP 1999-924683 19990319, EP 2002-90142 19990319; US
2003235915 A1 Div ex US 2000-646673 20000920, US 2002-131410 20020425
FDT EP 1064379 A2 Based on WO 9947669; JP 2002506643 W Based on WO 9947669; EP
1236799 A2 Div ex EP 1064379
PRAI DE 1998-19813839 19980320
IC ICM C07K014-435; C12N015-09; C12N015-12; C12N015-85
ICS A61K031-711; A61K038-00; A61K038-17; A61K048-00; A61P035-00;
C07H021-04; C07K014-47; C07K016-18; C12N001-19; C12N001-21;
C12N005-06; C12N005-10; C12N015-11; C12N015-62; C12N015-63;
C12P021-02; G01N033-50
AB DE 19813839 A UPAB: 19991122
NOVELTY - Human nucleic acid sequences from tumor breast tissue are new.
DETAILED DESCRIPTION - A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene
product comprises:
(a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 32 sequences (fully
defined in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a
nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II).
INDEPENDENT CLAIMS are also included for: (1) a nucleic acid sequence (68
sequences fully defined in the specification), characterized in that it has
increased expression in tumor breast tissue;
(2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their
chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as
vehicles for gene transfer;
(3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is
sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression
cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together
with at least a control or regulatory sequence;
(5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a
nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic
information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above;
(7) a process for manufacturing a polypeptide or fragments, characterized in
that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a
polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above;
(9) a polypeptide partial sequence having one of 60 sequences (fully defined
in the specification); and (10) a genomic gene, its promoter, enhancer,
silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA
having one of the 68 sequences.

ACTIVITY - Cytostatic.

MECHANISM OF ACTION - Gene Therapy.

USE - The nucleic acid sequences can be used to produce and isolate full-length gene sequences. They can be used to express proteins, which can be used as tools to find an activity against breast cancer. The sequences can be used in sense or antisense form. They are especially useful for medicaments for gene therapy to treat breast cancer. A total of 77 sequences given in the specification can be used for production of medicaments for treatment of breast cancer (all claimed). Dwg.0/5

FS CPI

FA AB; DCN

MC CPI: B04-C01; B04-E02F; B04-E04; B04-E06; B04-E08; B04-F0100E; B04-G05;
B04-N04A; B11-C08E5; B12-K04A1; B12-K04E; B14-H01; B14-S03; D05-C12;
D05-H11; D05-H12B1; D05-H12D2; D05-H14; D05-H17B6



①⑨ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 13 839 A 1**

②① Aktenzeichen: 198 13 839.3
②② Anmeldetag: 20. 3. 98
②④ Offenlegungstag: 23. 9. 99

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 13 839 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosentahl, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brusttumor-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 839 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d. h. Genen; die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBlu-

escript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pwLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, IISV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I. 5

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. 10

Die erhaltlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die expri- 15

miert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 20

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147. 25

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 68 kodiert werden. 30

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 71 bis 148 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können. 35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 enthalten. 40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 45

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 50

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 55

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen). 60

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 65

Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 5 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq-Datenbank.
 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.
 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.
 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.
 15 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

20

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

- Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per
 25 read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle
 30 übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

- 35 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.
 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

- Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen,
 40 die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

- Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens
 45 fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine
 50 kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

- 55 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

- 60 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben ge-
 65 ordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	10
Brust	0.0053	0.0458	0.1165	8.5843	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899	11.1243	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601	1.1626	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025	25
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6161	
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	40
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	45
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0228	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0082	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

65

2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related Protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
15	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
20	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
25	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
30	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0449
65	Sinnesorgane	0.0000

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. 5

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16					10
	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	15
Endokrines Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958	
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	20
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	25
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879	30
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
FOETUS					40
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				45
Lunge	0.0111				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0068				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0196	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0182	0.0156	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0409	0.5358	1.8663
	Gastrointestinal	0.0174	0.0238	0.7328	1.3646
10	Gehirn	0.0534	0.0526	1.0160	0.9842
	Haematopoetisch	0.0154	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0398	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0224	0.0378	0.5926	1.6876
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0300	1.3704	0.7297
	Niere	0.0297	0.1232	0.2412	4.1459
20	Pankreas	0.0076	0.0276	0.2743	3.6460
	Penis	0.0389	0.0267	1.4600	0.6849
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0248	0.0356	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
25	Duenn darm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
35	Gastrointestinal	0.0216			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0368			
	Lunge	0.0481			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0320			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0414			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0745			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0082			
55	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
Blase	0.0046		0.0128		0.3637	2.7495
Brust	0.0067		0.0174		0.3822	2.6162
Eierstock	0.0061		0.0000		undef	0.0000
Endokrines Gewebe	0.0018		0.0082		0.2233	4.4791
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281
Gehirn	0.0339		0.0110		3.0964	0.3230
Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000
Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000
Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000
Lunge	0.0137		0.0000		undef	0.0000
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153		0.6300	1.5874
Muskel-Skelett	0.0086		0.0120		0.7138	1.4010
Niere	0.0030		0.0342		0.0868	11.5165
Pankreas	0.0057		0.0110		0.5143	1.9446
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
Prostata	0.0024		0.0085		0.2797	3.5758
Uterus	0.0116		0.0071		1.6246	0.6155
Brust-Hyperplasie	0.0036					
Duennndarm	0.0093					
Prostata-Hyperplasie	0.0030					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0118					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0092					
Gehirn	0.0188					
Haematopoetisch	0.0079					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Niere	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0204					
Eierstock-Uterus	0.0091					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0093					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0114					
Haut-Muskel	0.0227					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0291					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
50	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	10
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	20
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0167	0.0129	1.3051 0.7662	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenn darm	0.0062			25
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0062			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
	Eierstock	0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
	Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
	Haematopoetisch	0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
	Herz	0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0246	0.0055	4.4569	0.2244
20	Penis	0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
	Prostata	0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
	Uterus	0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0375			
35	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0204			
	Lunge	0.0296			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
45	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
50	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0139		0.0281		0.4959	2.0163	5
Brust	0.0080		0.0414		0.1931	5.1778	
Eierstock	0.0122		0.0260		0.4674	2.1393	
Endokrines_Gewebe	0.0274		0.0354		0.7728	1.2940	10
Gastrointestinal	0.0252		0.0333		0.7561	1.3226	
Gehirn	0.0237		0.0175		1.3547	0.7382	
Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000	15
Haut	0.0149		0.1693		0.0881	11.3508	
Hepatisch	0.0149		0.0129		1.1477	0.8713	
Herz	0.0381		0.0412		0.9249	1.0812	20
Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000	
Lunge	0.0174		0.0615		0.2836	3.5259	
Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0383		0.2520	3.9685	25
Muskel-Skelett	0.0171		0.0180		0.9517	1.0508	
Niere	0.0208		0.0548		0.3799	2.6323	
Pankreas	0.0284		0.0000		undef	0.0000	30
Penis	0.0180		0.1066		0.1685	5.9360	
Prostata	0.0119		0.0213		0.5593	1.7879	
Uterus	0.0116		0.0285		0.4061	2.4622	35
Brust-Hyperplasie	0.0109						
Duenndarm	0.0374						
Prostata-Hyperplasie	0.0386						40
Samenblase	0.0356						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113						45
							50
							55
							60
							65

FOETUS

	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	35
Gastrointestinal	0.0216	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0079	40
Herz-Blutgefuesse	0.0245	
Lunge	0.0259	
Niere	0.0062	45
Prostata	0.0748	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0205	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0233	50
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0615	55
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0181	60
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0387	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust 0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines Gewebe 0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal 0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
10	Gehirn 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0208	0.0000	undef	0.0000
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0062
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
	Lunge 0.0148
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0244
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0020
55	Prostata 0.0256
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0465	0.0051	9.0924	0.1100	5
Brust	0.0107	0.0458	0.2330	4.2922	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838	2.0669	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713	
Herz	0.0064	0.1649	0.0385	25.9489	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0120	4.2826	0.2335	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0310	0.0362	0.8554	1.1690	
Uterus	0.0116	0.0427	0.2708	3.6932	
Brust-Hyperplasie	0.0363				
Duennndarm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0185				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0082				
Lunge	0.0185				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0140				40
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.1156				45
Eierstock-Uterus	0.0183				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0321				55
Sinnesorgane	0.0077				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0656			
	Nerven	0.0030			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0387			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
20	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0308	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0370	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0099	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0285	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0110	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0155	

60

65

• •

• •

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0123	
35	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0123	
	Lunge	0.0185	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0122	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0312	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0070	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497	5
Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	15
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137	
Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata 0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
	Uterus 0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0062			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0118			
	Herz-Blutgefuesse 0.0245			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
40	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	-			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0082			
	Gastrointestinal 0.0122			
50	Haematopoetisch 0.0456			
	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0050			
55	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

• •

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0182	0.0078	2.3372	0.4279
	Endokrines Gewebe	0.0164	0.0245	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0213	0.0190	1.1196	0.8932
10	Gehirn	0.0144	0.0186	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0248	0.0065	3.8257	0.2614
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0199	0.0165	1.2039	0.8306
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0132	0.0142	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0185			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
50	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
55	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef	5
Brust	0.0067		0.0261		0.2548	3.9243	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0017		0.0022		0.7741	1.2918	10
Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef	
Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0030		0.0137		0.2171	4.6066	
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	20
Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0024		0.0000		undef	0.0000	
Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duennndarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0039						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						40
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0068						45
Eierstock-Uterus	0.0046						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0023						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0228						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0064						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509	
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0597	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624	
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef	15
Lunge	0.0012	0.0095	0.1317	7.5943	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0143	0.0213	0.6712	1.4899	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0250	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0245	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0185	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	45
Eierstock-Uterus	0.0297	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0222	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0077	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T · T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock	0.0152	0.0234	0.6492 1.5403
	Endokrines Gewebe	0.0146	0.0327	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal	0.0291	0.0095	3.0535 0.3275
	Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078 1.2380
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0137	0.0113	1.1588 0.8630
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261 0.2919
15	Niere	0.0327	0.0411	0.7960 1.2563
	Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143 1.9446
	Penis	0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0286	0.0234	1.2203 0.8195
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208 0.4309
20	Brust-Hyperplasie	0.0145		
	Duenndarm	0.0187		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0122		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
35	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
40	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0228
	Endokrines Gewebe	0.0245
45	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
50	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef	5
Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465	
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0102		0.0077		1.3270	0.7536	10
Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0137		0.0000	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0240		0.1428	7.0051	
Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0030		0.0267		0.1123	8.9040	20
Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef	
Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036						
Duennndarm	0.0062						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0111						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0040						
Prostata	0.0000						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0102	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327	3.0061
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0038	0.0442	0.0857	11.6673
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0149	0.9588	1.0429
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0228			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0216			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

• •

• •

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0080	0.0174	0.4587	2.1801
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn 0.0034	0.0110	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0221	0.0857	11.6673
20	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0050	0.0285	0.1741	5.7450
	Brust-Hyperplasie 0.0182			
	Duenndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0122
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0453
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
55	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

• •
• •

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust 0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal 0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn 0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
10	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz 0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden 0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas 0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0305			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.1537
	Gastrointestinal 0.0401
35	Gehirn 0.1126
	Haematopoetisch 0.0472
	Herz-Blutgefuesse 0.0164
	Lunge 0.0481
	Niere 0.0247
	Prostata 0.0499
40	Sinnesorgane 0.1954

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0544
	Eierstock-Uterus 0.0320
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0636
	Gastrointestinal 0.0610
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.1328
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0191
55	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

• •

•

5

10

15

20

22

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
10	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0123	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0748	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0091	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0070	
	Gastrointestinal	0.0366	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0356	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0010	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0155	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996	5
Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef	
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427	10
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831	15
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1339	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0249				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0154				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

• •

• •

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
55	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0047	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0063				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0187			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0321			
55	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef	5
Brust	0.0040		0.0153		0.2621	3.8153	
Eierstock	0.0091		0.0286		0.3187	3.1376	
Endokrines_Gewebe	0.0182		0.0327		0.5582	1.7916	
Gastrointestinal	0.0155		0.0095		1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0127		0.0099		1.2902	0.7751	10
Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0265		0.0275		0.9634	1.0380	
Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144	
Lunge	0.0149		0.0260		0.5746	1.7403	15
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937	
Muskel-Skelett	0.0103		0.0060		1.7130	0.5838	
Niere	0.0208		0.0342		0.6078	1.6452	
Pankreas	0.0019		0.0055		0.3428	2.9168	
Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0024		0.0106		0.2237	4.4697	
Uterus	0.0099		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duennndarm	0.0093						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						25
Samenblase	0.0178						
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0062						
Gehirn	0.0125						35
Haematopoetisch	0.0236						
Herz-Blutgefuesse	0.0286						
Lunge	0.0074						
Niere	0.0062						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0279						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0114						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0210						
Gastrointestinal	0.0244						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0421						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0050						
Prostata	0.0064						55
Sinnesorgane	0.0155						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
10	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
10	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0236			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538	
Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0079				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0046				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
10	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0309			
40	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0067	0.0153	0.4368 2.2892	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500 1.0527	
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450 0.6079	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0997	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0218			25
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0157			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0068			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			50
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0077			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
40	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0320			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0367			
	Gastrointestinal 0.0000			
50	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0000			
55	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998	5
Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878	
Eierstock	0.0091		0.0026		3.5059	0.2852	
Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0054		0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0017		0.0044		0.3871	2.5836	10
Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0847		0.0000	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0050		0.0000		undef	0.0000	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0057		0.0110		0.5143	1.9446	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef	
Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duennndarm	0.0031						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0079						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0074						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0122						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0050						
Prostata	0.0128						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0157			
	Herz-Blutgefuesse 0.0041			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
40	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0128			
	Gastrointestinal 0.0000			
50	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0162			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0020			
55	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0080	0.0153	0.5242	1.9076	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907	
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257	3.0703	
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635	1.5071	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
	FOETUS				30
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				35
Haematopoetisch	0.0079				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0185				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0140				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0091				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0697				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0665	0.0699	14.2976	5
Brust	0.0080	0.0436	0.1835	5.4504	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732	2.6795	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0087	0.0142	0.6145	1.6273	15
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0119	0.0205	0.5789	1.7275	
Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0343				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0092				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0476				45
Eierstock-Uterus	0.0274				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0052				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223	5
Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320	
Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729	
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765	10
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753	
Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018				
					30
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0062				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0037				40
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				50
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0052				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				55
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0410				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0449				
Sinnesorgane	0.0000				

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
15	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.1011			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0082	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0078	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0030	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
FOETUS					30
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0046				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				50
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				55
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0040				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

5 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 10 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

15 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann.

Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

20 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

25 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. -länge	Länge der ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
1	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane NADH_ubiquinone oxidoreductase MLRQ-Untereinheit; sie stellt ein Enzym der Elektronen-Transportkette dar	265	513	unbkt.
2	ca. 9 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nicht bekannt ist	238	670	unbkt.
3	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich vermutlich um einen Transkriptionsfaktor	214	1845	unbkt.
4	ca. 6 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein", gehört zu einem "Proteinase-Scavanging-System" (fängt Proteinase-Aktivität ab)	238	1499	humanes Chromosom 4p16;3
5	ca. 30 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	"macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)", spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation	209	688	unbkt.
6	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes lamin B2 (LAMB2) Gen, Lamins bilden die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt, sie spielt eine wichtige Rolle in der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription	268	909	STS nicht kartiert.
7	ca. 4 x stärker im Pankreas als im entspr. Normalgewebe	regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde	260	930	unbkt.

Lfd.	Expression	Funktion	EST	Länge der ange- mel.	Chromos.
Nr.			Aug. länge	Sequenz	Lokali- sation
8	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin- Familie), es schützt die Zelle vor oxidativen Prozessen.	260	989	unbkt.
9	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	276	2017	unbkt.
10	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 9x stärker im Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Fibromodulin, es stellt ein Proteoglykan des Knorpels dar	252	2233	Hum.Chro m. 1 zw. D1S477u D1S504 (219-222 cM)
11	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt und reguliert über die Actine die Zellbeweglichkeit	252	1365	Hum.Chro m. 2 zw. D2S289u. D2S388 (107-111 cM)
12	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 13 x stärker im Herztumor als im entspr. Normalgewebe	Östrogen-induzierbares Gen, dessen Funktion noch nicht verstanden ist	273	1597	Hum.Chro m. 18 zw. D18S1114 u.D18S468 (61-64 cM)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrom. Lokalisation
13	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "integrin-linked kinase (ILK)", steuert den Zusammenbau der Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin, ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen	296	1780	Hum.Chrom. 11 zw. D11S1318 u. D11S1338 (6-14 cM)
14	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	301	892	Hum.Chrom. 6 zw. D6276u. D6S439 (44-48 cM)

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokall-sation
15	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Gegenstück des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"), spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel	263	992	Hum.Chro m. 14 zw. D14S63 u. D14S251 (59-65 cM)
16	ca. 11 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	menschliches Tim23, welches im Proteintnaslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist	260	1196	unbkt.
17	ca. 6 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	293	1105	unbkt.
18	ca. 7 x stärker im Brusttumor und im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zum Maus "synaptosomal associated protein"	272	2006	Hum.Chro m. 7, zw. D7S499 u. D7S2429 (76-77 cM)
19	in Brusttumoren erhöht	human intestinal trefoil factor	246	834	unbkt.
20	in Brusttumoren erhöht	humane RNA polymerase II transcription factor	279	765	Chromoso m 13
21	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, hat geringe Homologie zu einem humanen Homeobox-Gen	245	779	unbkt.
22	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 17 x stärker im Hauttumor als im entspr. Normalgewebe	humane JAK1 Tyrosinkinase, ein US-Patent besteht	282	2327	STS nicht kartiert.
23	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	260	911	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
24	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines Gens von <i>arabidopsis thaliana</i> (Chromosom 1)	264	595	unbkt.
25	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, vermutlich humanes Gegenstück eines Gens von <i>caenorhabditis elegans</i> , das auf Cosmid R11H6 lokalisiert ist	251	886	unbkt.
26	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humane "macropain subunit zeta", ein Proteinbestandteil eines Proteosoms, das den Abbau von Proteinen und möglicherweise auch von RNA reguliert	239	1008	unbkt.
27	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 4 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	269	2273	unbkt.
28	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 6 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Cyclin D1, ein US-Patent besteht, gemäß einer Veröffentlichung wird Cyclin D1 in Pankreastumoren überexprimiert	252	3448	unbkt.
29	ca. 8 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Gehirntumor als im entspr. Normalgewebe	Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül	281	1579	STS nicht kartiert
30	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 3 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humanes 80K-L Protein, ein Substrat der Protein-Kinase C	270	3070	STS fehlt!

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation	
31	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	291	2751	unbkt.	
33	Expression in Brusttumoren stark erhöht	Benzodiazepin-Rezeptor	275	890	KEINE ANGABE	
35	im Brusttumor stark erhöht	Ubiquinon Oxidoreduktase	287	693	KEINE ANGABE	
36	im Brusttumor stark erhöht	neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört (humanes Homolog zu KIF2)	282	1054	KEINE ANGABE	
37	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen (Gehirn-, Blase-, Eierstocktumoren)	Lysozym	155	541	KEINE ANGABE	
38	erhöht in Brust- und Prostata Tumoren	unbekannt	291	1187	KEINE ANGABE	
39	in Brust- und Penistumoren stark erhöht	putative Serin-/Threoninkinase	239	2281	STS WI- 13202 (Chrom. 6, Koordinate 761 CentiRays)	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
40	im Brusttumor stark erhöht	putatives Kupfer-Aufnahme Gen	271	1759	STS WI-11879 (Chrom. 9, Koordinate 429.1 CentiRays)
41	im Brusttumor stark erhöht	Alpha Galaktosidase A	245	1447	KEINE ANGABE
42	im Brusttumor stark erhöht	neues Homologes zu humanem B-cell Wachstumsfaktor (BCGF1)	151	831	KEINE ANGABE
43	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	263	528	KEINE ANGABE
44	im Brusttumor sehr stark erhöht	unbekannt	270	1027	Siehe PAC
45	in hämatopoetischen und Brusttumoren erhöht	Phosphatase	303	2160	KEINE ANGABE
46	im Brusttumor erhöht	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin	323	642	KEINE ANGABE
47	im Brusttumor stark erhöht	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11	266	1415	KEINE ANGABE
48	im Brusttumor erhöht	RNA-Helicase	261	2949	KEINE ANGABE
49	in Brust-, Blasen und Prostata Tumoren erhöht	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist	268	665	KEINE ANGABE
50	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	904	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
51	erhöht in Brust- sowie Prostata- und Skelettmuskel Tumoren	neue humane ATPase	291	1239	KEINE ANGABE
52	in Gehirn-, Brust-, Penis- und Pankreastumoren erhöht	unbekannt	260	966	KEINE ANGABE
53	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen Tumoren (Gastrointestinal, Gehirn, Niere, Pankreas, Prostata)	Homologes zum NAG-2 Gen	250	556	KEINE ANGABE
54	in Brust-, Pankreas- sowie Gastrointestinaltumoren erhöht	Arginin Methyltransferase	295	1349	KEINE ANGABE
55	in Brust- sowie anderen Tumoren (Herz, Skelettmuskel, Prostata) erhöht	unbekannt	284	2021	Chromoso m 17
56	nur im Brusttumor gefunden	Stromelysin	262	900	KEINE ANGABE
57	im Brusttumor erhöht	humanes GTP bindendes Protein	272	1212	Keine Angabe
58	im Brusttumor erhöht	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	242	494	Chrom. 11q12 pac pDJ363p2
59	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	729	Keine Angabe
61	im Brusttumor erhöht	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	241	1315	Keine Angabe
62	in Brust- und Uterustumoren erhöht	unbekannt	219	2011	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der ange- mel. Sequenz	Chrom Lokalisat.
63	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	246	2009	STS SHGC- 32788 (Chrom.1, Koordinate 5089.0 Centirays)
64	in Brust- und Blasen Tumoren stark erhöht	Ets Transkriptionsfaktor	256	2269	Keine Angabe
65	im Brusttumor erhöht	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	246	1874	STS SHGC- 34461 (
66	in Blasen- und Brustumoren stark erhöht	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor	238	687	
67	im Brusttumor erhöht	möglicherweise eine Dehydrogenase	218	1528	
68	In Brustumoren erhöht.	unbekannt	173	904	

Tabelle II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
5 3	71
9	72
	73
	74
	75
10	76
14	77
16	78
17	79
	80
15 18	81
19	82
20	83
21	84
	85
20	86
	87
23	88
	89
24	90
25 25	91
27	92
	93
29	94
31	95
30	96
	97
	98
33	99
	100
35 35	101
36	102
38	103
39	104
40	105
40 41	106
42	107
43	108
	109
	110
45 44	111
	112
	113
46	114
47	115
50	116
48	117
49	118
	119
50	120
55 51	121
	122
52	123
	124
	125
60 53	126
	127
54	128
55	129
	130
65	131
	132
	133

DE 198 13 839 A 1

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.	
56	134	
	135	
57	136	5
58	137	
59	138	
	139	
61	140	
62	141	10
63	142	
	143	
	144	
64	145	
66	146	15
67	147	
68	148	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

25

30

35

40

45

50

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

5

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

10

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1672

15

(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Brustumorgewebe

25

(iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

30

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 513 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

```

CCTTCAGGTA GGAGGTCCTG GGTGACTTTG GAAGTCCGTA GTGTCTCATT GCAGATAATT 60
TTTAGCTTAG GGCCTGGGGG CTAGGTCGGT TCTCTCCTTT CCAGTCGGAG ACCTCTGCCG 120
CAAACATGCT CCGCCAGATC ATCAGTCAGG CCAAGAAGCA TCCGAGCTTG ATCCCCCTCT 180
TTGGATTAT TGGAACTGGA GCTACTGGAG CAACACTGTA TCTCTGCGT CTGGCATTGT 240
TCAATCCAGA TGTTTGTTGG GACAGAAATA ACCCAGAGCC CTGGAACAAA CTGGGTCCCA 300
ATGATCAATA CAAGTTCTAC TCAGTGAATG TGGATTACAG CAAGCTGAAG AAGGAACGTC 360
CAGATTTCTA AATGAAATGT TTCATAATA CGCTGCTTTA GAATGAAGGT CTTCCAGAAG 420
CCACATCCGC ACAATTTTCC ACTTAACCAG GAAATATTTT TCCTCTAAAT GCATGAAATC 480
ATGTTGGAGA TCTCTATTGT AATCTCTATT GGN 513

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtg ggcgtgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgcg gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaaaa 670

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

35 ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
 tgggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgccccat 120
 ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
 acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
 gtctgtctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
 gcagagtcac ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
 40 gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccactttccc taccagagg 420
 ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc ctctctcgcc ctgcgcaagg 480
 aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
 acaaggggct actcctgccc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
 45 ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660
 ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
 gacgccccaa tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
 gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttctgaagg tggacctcct 840
 50 cctggtcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
 cctctccacc cctcgccctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
 ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacagggal1020
 cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc cttgctgagc tccttggatg1080
 55 gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
 ggcggggggtc cccaaccca gcaattcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgccaa1200
 ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtgag cagctgcac tcccaggcgg1260
 gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct ctttaaccagc1320
 agttcttgtc tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact1380
 60 ggggtcccag caaccctggc cccaacccc agcaaatctc taacacctcc tagaggccaal1440
 ggcttaaaca ggcattctta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
 acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta cccagaact ttttaactctt1560
 ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgcc cccggggggc tgtggctaag1620
 65 taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
 cgtaggggga gtctgagccg ggagggtcc cgagtctctg cttcagctc ccaaagtggg1740

tggtgggccc ccttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
 attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa 1845

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1499 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

35

cggtctgagg	gcgccgcgga	gggtcaggtc	gtttctgcgc	gggtcccg	cgctgtact	60
gctgctgtc	ttctcgggc	cctggccgc	tgcgagccac	ggcgcaagt	actcgggga	120
gaagaaccag	cccaagccgt	ccccgaaacg	cgagtccgga	gaggagtcc	gcatggagaa	180
gttgaaccag	ctgtgggaga	aggcccagcg	actgcatctt	cctcccgtga	ggctggccga	240
gctccacgct	gatctgaaga	tacaggagag	ggacgaactc	gcctggaaga	aactaaagct	300
tgacggcttg	gacgaagatg	gggagaagga	agcgagactc	atacgcaacc	tcaatgtcat	360
cttggccaaag	tatggtcttg	acggaagaa	ggacgctcgg	caggtgacca	gcaactccct	420
cagtggcacc	caggaagacg	ggctgcatga	ccccaggctg	gaaaagctgt	ggcacaaggc	480
gaagacctct	gggaaattct	ccggcgaaga	actggacaag	ctctggcggg	agttcctgca	540
tcacaaagag	aaagtccacg	agtacaacgt	cctgctggag	accctgagca	ggaccgaaga	600
aatccacgag	aacgtcatta	gccccctcga	cctgagcgac	atcaagggca	gcgtcctgca	660
cagcaggcac	acggagctga	aggagaagct	gcgcagattc	aaccagggcc	tggaaccgct	720
gcgcagggtc	agccaccagg	gctacagcac	tgaggctgag	ttcgaggagc	ccagggtgat	780
tgacctgttg	gacctggcgc	agtccgcaa	cctcacggac	aaggagctgg	aggcgttccg	840
ggaggagctc	aagcacttcg	aagccaaaat	cgagaagcac	aaccactacc	agaagcagct	900
ggagattgcg	cacgagaagc	tgaggcacgc	agagagcgtg	ggcgacggcg	agcgtgtgag	960
ccgcagccgc	gagaagcacg	ccctgctgga	ggggcggacc	aaggagctgg	gctacacggt	1020
gaagaagcat	ctgcaggacc	tgctccggcg	gatctccaga	gctcggcaca	acgaactctg	1080
aaggcatttg	ggagcccagc	ccggcaggga	agaggccagc	gtgaaggacc	tggtgtcttg	1140
gccgtggcat	ttccgtggac	agcccgcctg	cagggtggct	ggggctggca	cggtgtcgat	1200
ggcaggaagg	attgtttctg	gtgactgcag	ccgtgcccgt	cgcgacacag	ggcttggttg	1260
tggtagcatt	tggtctgag	atcgccccag	ctctgactga	aggggcttgg	cttcactcal	1320
gcatcagcgt	ggcagtcacc	accccagtga	ggacctcgat	gtccagctgc	tgtcaggctc	1380
gatagtcctc	tgctaaaaca	acacgattta	cataaaaaat	cttacacatc	tgccaccgga	1440
aataccatgc	acagagtcct	taaaaaatag	agtgcagtat	ttaaaccaa	aaaaaaaaa	1499

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

35 gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
 cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
 gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
 gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
 ttttctcaag aeggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
 40 cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
 ctgggcctcc cagagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
 aggctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagt ggcacggcca 480
 cggccacagt catggtggcc acggccacag ccaactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
 45 tctaccaaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggtgt ggggctaggg 600
 gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgctt ttccagctcc 660
 tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg 688

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

15

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccggttga ctttgccggac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaac cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacatg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggg ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccggggcctt aggaggggtg caccggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg
540
gccctgtgcc ttcctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccctagt gtgcccagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgct tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggctctcag cttcccctggg ttgggagaag 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
acccctgcc
909

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

5  tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggcctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
   tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaaca ataacataaa 120
   aatggcttcc aaaagagctc tggatccct ggctaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
   catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggct accgttcgag gcctggctgg 240
   aaaagaccca gtacagtgtg gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccctgaaga 300
10 tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
   gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
   cctgatagcc gccatctgtg caggtcctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
   aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaaggag gtcattacac 540
15 ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg gccctgggac 600
   cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggtca 660
   agtgaaggct ccacttgctt ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
   aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
20 atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
   agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttgttt gcagaataaa 900
   cagggcattt agcaactaa aaaaaaaaaa 930

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

   cgcgcggggc tctgtcacgc ggtttagct gcccgggcgc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
   caaggagcgt gtttctgcgc tcgcgtggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
60 actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gtcctgctg 180
   ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
   tgccacttct acgcgggttg acaagtgtac ccgggagagg catcccgggt atcggctgcc 300
   gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360

```

65

DE 198 13 839 A 1

```

acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggcctggatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatgggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat ccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattacacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttctgtta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcc cataggaagt aaaatgagta ctacagcct 120
tgcgccaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt ctcccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgctcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaagg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggtta caagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960

```

```

gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta1020
tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc1140
5 ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tttttccaag cctgagtatt1200
gtctatttgt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal380
10 acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
attttacata ttttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
ctatagtttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgtal620
15 aactttgtgg ctttttgtct gtgatgcttg gtctcaagg aaaaaataag atggtaaagt1680
ttgataattta caaacttttc taaagatgtg tctctaa'caa taaaagttaa ttttagagta1740
gttttatatt aattaccaa ctttttcaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggctttctc ttcatacttt1920
20 tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
caatatgttt tgggttttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2233 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

cggctcgagc ggcgcggaagt tccatgaggg gcctccggtc actgatcttg ctggacctga 60
gtrataacca ctttcggaag gtgcctgatg ggctgccctc agctcttgag cagctgtaca 120
60 tggagcacia caatgtctac accgtccccg atagctactt ccggggggcg cccaagctgc 180
tgtatgtgcg gctgtccac aacagtctaa ccaacaatgg cctggcctcc aacaccttca 240
attccagcag cctccttgag ctgacacctc cctacaacca gctgcagaag atccccccag 300
tcaacaccaa cctggagaac ctctacctcc aaggcaatag gatcaatgag ttctccatca 360
65 gcagcttctg caccgtggtg gacgtcgtga acttctccaa gctgcagggtg ctgcgcctgg 420
acgggaacga gatcaagcgc agggcatgcc tgccgacgcg cccctctgcc tgcgccttgc 480

```

```

cagcctcatc gagatctgag cagccctggc accgggtact gggcggagag cccccgtggc 540
atttggcttg atggttttgg ttggcttttg ctggaaggct caggatggac catgtgacag 600
aagtccacgg gcaccctctg tagtcttctt tctgttaggt ggggttaggg ggggcgatca 660
gggacaggca gccttctgct gaggacatag gcagaagctc actcttttcc agggacagaa 720 5
gtggtggtag atggaaggat ccctggatgt tccaacccca taaatctcac ggctcttaag 780
ttcttcccaa tgatctgagg tcatggaact tcaaaagtgg catgggcaat agtatataac 840
catacttttc taacaatccc tggctgtctg tgagcagcac ttgacagctc tccctctgtg 900
ctgggctggg cgtgcagtta ctctgggctc ccatgtgttg cttctcaaaa tatacctctt 960 10
gcccagctgc ctcttctgaa atccacttca cccactccac tttcctccac agatgcctct1020
tctgtgcctt aagcagagtc aggagacccc aaggcatgtg agcatctgcc cagcaacctg1080
tgagacaac ccacactgtg tctgagggtg aaaggacacc aggagtcact tctatacctc1140
cctaacctca cccctggaaa gccaccagat tggaggctac cagcatgatg ataattattca1200 15
tgacctgatg tgggaggaga cagccaacct caggcttaga tcaatgtata gggctatat1260
ttggcagctg tggtagctctt tgaagggtga taagacttca gaagaggaaa ggccagactt1320
tgcttaccat cagcatctgc aatgggcaa acacacctca aattggctga gttgagaaag1380
cagccccagt agttccattc ttgccagca ctttctgcat tccaaacagc atcctacctg1440
ggtttttatc cacaaggta gcggccacat ggtttttaaa gtatgagaaa cacagtttgt1500 20
cctctccttt tatccaagca ggaagattct atatcctgat ggtagagaca gactccaggc1560
agccctggac ttgctagccc aaagaaggag gatgtggtta atctgtttca cctggtttgt1620
cctaaggcca tagttaaaaa gtaccagctc tggctggggg ccgtgaagcc caggccaggc1680
agccaaatct tgcctgtgct gggcatacaa ccctctgctt tcacatctct gagctatatc1740 25
ctcattagtg aagggtggctt ttgctttata gtttggctgg ggagcactta attcttccca1800
tttcaaaagg taatgttgcc tggggcttaa cccacctgcc ctttgggcaa ggttgggaca1860
aagccatctg ggcagtcagg ggcaaggact gttggaggag agttagccca agtataggct1920
ctgccagat gccatcacat ccctgatact gtgtatgctt tgaagcacct tccctgagaa1980 30
gggaagaggg gatctttgga ctacgttctt ggctccagac ctggaatcca caaaagccaa2040
accagctcat ttcaacaaag gagctccgat gtgaggggca aggctgcccc ctgccccagg2100
gctcttcaga aagcatctgc atgtgaacac catcatgcct ttataaagga tccttattac2160
aggaaaagca tgagtgggtg ctaacctgac caataaagtt attttatgat tgcaataaaa2220 35
aaaaaaaaaaa aaa 2233

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1365 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

5  ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
   catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
   cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccgggtgct gtggcgcaag agaaccaggg 180
   cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
10  tctgcacctg tggataggcc agcagtcac cggggtagag cagggggcct gtgccgtgct 300
   ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
   aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggg 420
   gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
   caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
15  aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
   aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
   gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
   atccagggtc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
20  gctgacaagg caaatgcca ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
   atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatatctgat 900
   gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
   gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg 1020
25  cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080
   aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctcccctgc 1140
   cccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgcagagg tgccccctgc 1200
   agatgttcaa taaaggagac aagtgtttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg 1260
30  gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
   agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

DE 198 13 839 A 1

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgctgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtgggttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgtcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tggaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag ttccagttag tcataggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtagct tttaatatatt aagttattct atcttggaga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaactctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atataatttaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggtta cctggtttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catTTgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaa 1597

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagccccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtccc gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgcggga cgctgctatg gacgacattt tctctcagtg ccgggagggc 180
5 aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcactgggcc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
10 gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
15 accacccgca ctcgccccg aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaagggtc gagactggag tacaaggaa 840
agcaggggact tcaatgaaga gtgtccccg ctcaggattt tctcgcattc aaatgtgctc 900
ccagtgtatg gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
20 atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggactg gcaaggggca tggccttcct acacacacta 1080
gagccctca tcccacgaca tgcactcaat agccgtagt taatgattga tgaggacatg 1140
actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200
25 gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgcct ctgtgggaac tggtgacacg ggaggtaccc 1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
30 accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg 1560
cacctcccca aagcagcagg cctctgggtg cctccccgc ctccagtcac ggtactaccc 1620
cagccatggg gtccatcccc ttccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc 1680
35 tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tcccaacatg ggagggatca gccccgcctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 892 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

aacgactcct	ggtaccttgc	tcccattact	tcccgtttcc	tcgatctgct	gctcgtctca	60	
ggctcgtagt	tcgccttcaa	catgccgga	ccagcgaagt	ccgctcccgc	gccaagaag	120	5
ggctcgaaga	aagccgtgac	taaggcgag	aagaaggacg	gcaagaagcg	caaggcagcc	180	
gcaaggagag	ctactccgta	tacgtgtaca	aggtgctgaa	gcaggtccac	cccgcaccg	240	
gcacctcctc	taaggccatg	ggaatcatga	actccttcgt	caacgacatc	ttcgaacgca	300	
tcgcgggtga	ggcttcccgc	ctggcgcat	acaacaagcg	ctcgaccatc	acctccaggg	360	10
agatccagac	ggccgtgctg	ctgctgctgc	ccggggagtt	ggccaagcac	gccgtgtccg	420	
agggcaccaa	ggccgtcacc	aagtacacca	gcgctaagta	aacttgccaa	ggagggactt	480	
tctctggaat	ttcctgatat	gaccaagaaa	gcttcttata	aaaagaagca	caattgcctt	540	
cggttacctc	attatctact	gcagaaaaga	agacgagaat	gcaaccatac	ctagatggac	600	15
ttttccacaa	gctaaagctg	gcctcttgat	ctcattcaga	ttccaaagag	aatcatttac	660	
aagtttaatt	ctgtctcctt	gtccattccc	ttctctctaa	taatcattta	ctgttccctc	720	
aagaattgtc	tacattaccc	atctcctctt	ttgcctctga	gaaagagtat	ataagcttct	780	
gtaaccctac	ggggggttgg	ggtaatattc	tgtggtcctc	agccctgtac	cttaataaat	840	20
ttgtatgcct	tttctcttaa	aaaaaaaaag	gaggaagaa	ggaagaggat	gc	892	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag	gattggctgt	tagcggcggt	gtagttaagc	tcgtgtaacg	gcggcggtgt	60	55
cggcagctgc	tgtagcgaag	agagtttggc	gcgatgtctc	acaccatttt	gctggtagac	120	
cctaccaaga	ggccagaagg	cagaacttat	gctgactacg	aatctgtgaa	tgaatgcatg	180	
gaagggtgtt	gtaaaatgta	tgaagaacat	ctgaaaagaa	tgaatcccaa	cagtccctct	240	
atcacatatg	acatcagtc	gttgtttgat	ttcatcgatg	atctggcaga	cctcagctgc	300	60
ctggtttacc	gagctgatac	ccagacatac	cagccttata	acaaagactg	gattaaagag	360	
aagatctacg	tgctccttcg	tcggcaggcc	caacaggctg	ggaaataatt	gtgttggaag	420	
cactgggggg	gttgggggtg	gcttggaaac	caggtgtgta	cagcgtgctg	tagtggaagt	480	
tttgtatcat	agtaatcctg	tttccacttt	gttatactct	agccaagatt	gactgtatia	540	65

```

gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gtccatatct actttataac attcacatac 720
5 taacccttct tcaagatggg gtggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
10 ttccacatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgccccg aaggtcagcg tgtgaagtag ggcgtggcaa cgcggggtta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcggga accactcggt 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggaac aaaaccacag ggggattggc 180
50 cggctttttc ggagccggcg gagcagggtta ctgcacgcg gatitggctg gcgtcccgtc 240
aactgggatg aaccctctgt ctcttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
55 tcggctagga ttgaaggaaa ccagaaacat ggcctgggtc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggt gtcttcgagg 660
60 gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcacttaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
65 ctttgggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg 1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccgag attcaggtcg tgcttgtagt 1080

```


DE 198 13 839 A 1

tactataatca ccaagtccat tcatTTaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggcttaggcc	cagccccctg	cctccccctcc	cttccccccag	gtataagagc	tgagctcagg	60	40
tgagctggct	cctcctgtct	tgtctcagcg	gctgccaaaca	gatcatgagc	catcagctcc	120	
tcctggggcca	gctataggac	aacagaactc	tcaccaaagg	accagacaca	gtgagcacca	180	
tgggacagtg	tcggtcagcc	aacgcagagg	atgctcagga	attcagtgat	gtggagaggg	240	
ccattgagac	cctcatcaag	aactttcacc	agtactccgt	ggaggggtggg	aaggagacgc	300	
tgaccccttc	tgagctacgg	gacctgggtca	cccagcagct	gccccatctc	atgccgagca	360	45
actgtggcct	ggaagagaaa	attgccaacc	tgggcagctg	caatgactct	aaactggagt	420	
tcaggagttt	ctgggagctg	attggagaag	cggccaagag	tgtgaagctg	gagaggcctg	480	
tccgggggca	ctgagaactc	cctctggaat	tcttgggggg	tgttggggag	agactgtggg	540	
cctggagata	aaacttgtct	cctctaccac	cacctgttac	cctagcctgc	acctgtcctc	600	50
atctctgcaa	agttcagctt	ccttccccag	gtctctgtgc	actctgtctt	ggatgtctctg	660	
gggagctcat	gggtggagga	gtctccacca	gagggaggct	caggggactg	gttgggccag	720	
ggatgaatat	ttgagggata	aaaatttgtt	aagagccaaa	gaattggtag	tagggggaga	780	
acagagagga	gctgggctat	gggaaatgat	ttgaataatg	gagctgggaa	tatggctgga	840	55
ratctggtac	taaaaaagg	tctttaagaa	cctacttcct	aatctcttcc	ccaatccaaa	900	
ccatagctgt	ctgtccagtg	ctctcttctc	gcctccagct	ctgccccagg	ctcctcctag	960	
actctgtccc	tgggctaggg	caggggagga	gggagagcag	ggttggggga	gaggctgagg	1020	
agagtgtgac	atgtggggag	aggaccagct	gggtgcttgg	gcattgacag	aatgatggtt	1080	
gttttgtatc	atttgattaa	taaaa				1105	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgtc gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctctgcagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
35 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgcaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgacttt tggtaggggac 360
40 ttggaacacg tggtagggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttgggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagtccag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataa tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
45 acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattgggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
50 gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaa atattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg1080
ccttgctgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac1140
55 ttctccccac cctccagaag ggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaa caaatctgtt1260
ttataatcac agatttttag acaattttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440
60 tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcataatg tgaatttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
65 ctaatatattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcattttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactggt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860

```

DE 198 13 839 A 1

ttgtctgccc cacaatcaag aatgtaatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
 aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac 2006

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
 gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
 aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct 180
 gtgcaaacaa cgggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
 cccggagccc acggtgggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggctcctggc 300
 cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
 gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
 ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgtttca agcccttgc 480
 ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
 cggagcacc cttgccgggt gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc 600
 cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
 aataaagggt ccattgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg 720
 tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgccaggc 780
 ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt 834

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

cgggaaacggg gcggacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcgaactgaa gcgcacgcgc gagggcatcc tcaagcggcc tcccgacgag 180
30 cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgcag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
35 caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccctgggat gggctccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttgcccca 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagaccaag ccattgttag 660
40 cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt gccct 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 779 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
50 (C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
65 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

5

```

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttccctct ggtcggcggc tgcagcgggg 60
tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcac cgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggt cacaaacgtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gtcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggtccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccacaaat catcctgaat ctgatcttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggac 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaadc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaaacct tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420

```

65

```

gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtta ggggatggac tatttgggtt ctccggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttgttgag agtgaacacc aagtgaataat 540
5 tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtagc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt ctttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttctt gaaaatgata ggccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgctgccgt gccaccta 840
10 ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt taaaaataag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtc ttctcctgca acaaatgccc aagtcattttt 1020
taaaaatttt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcactatt 1080
15 cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttctcttt 1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaatatttt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataatcc accatttcat ctggctagtt caccatcaca 1260
actgcattac caaaagggga ttttggaaa cgaggagttg accaaaataa tatctgaaga 1320
20 tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaa atgactgtat 1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg 1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata 1620
25 gataatttgc tgcattgtta ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta 1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc tttataact ctaccatttt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgact gttcttaga 1860
30 ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gttttacca tcaatcatca 1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
35 gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagt 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcacittgt ttactcttta tacaataaaa tatactaaag 2280
actttaaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

ccgggattgg	ctgcgggcct	cgcgaccctc	ctgcttccct	ccccgccccg	cgccgcctct	60	5
ctggtttgtg	cgcccgctgc	aggtcgcagg	cctctttgtc	agctggagtt	gcgcgggctg	120	
acgcgccact	atgtagcggg	tttcgggcgg	gccacgcgtg	cgggacagga	acccaacccc	180	
agccgacctt	gagctccagg	agttcgtctc	ttacgtctgc	ggaagtgcag	ctgcctcagt	240	
tcttagcgca	ggttgacaac	tacaggcaca	agccattgaa	gctggaatgt	cctgttgctg	300	10
gtatttcaat	tgacttaagc	caactatccc	ttcagttaca	ataggaaagt	gcctctaata	360	
aggccaaata	tgcgtactaa	cttgtagcaa	ccacgtgtcc	gtgcagtgcc	acaggagcta	420	
gagcagtgc	aatgctggtg	gcaacagggc	agtgtagcag	gtgcttcagt	ttcacctttt	480	
caaccttttc	atttaattgt	cacaactcgg	aggtggattc	tgtagggac	aggctgcccc	540	
aggaccactc	cgcccccgct	aactcaatgc	agctgacctt	taccctgaat	actctgcagc	600	15
tgcattcctg	aaccgttatc	taggcgctat	agcaaggcca	ccagacttgc	tacaccgaag	660	
ccctctgggt	ggcacggggg	aggtcatgag	aaacgtggat	tacaccccct	tgtaaattcc	720	
tattttcaca	agataatata	ttgtaagccg	gtcatgagat	tatatgtggt	aaagttaatt	780	
gactaacaac	cccagggtct	ctctcccca	tataaacccc	tcattttgta	agctcagggc	840	20
tgccacctcc	gactggtgga	gaagcctggc	aggttaataa	acttacttgg	cctgaaaagg	900	
gaaaagcaag	a					911	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

cccacgcgtc	cggccaggat	actgcgagta	tggcggcgctc	aaaggtgaag	caggacatgc	60	
ctccgcccgg	gggctatggg	cccacgcact	acaaacggaa	cttgccgcgt	cgaggactgt	120	
cgggctacag	catgctggcc	atagggattg	gaaccctgat	ctacgggcac	tggagcataa	180	60
tgaagtggaa	ccgtgagcgc	aggcgcctac	aaatcgagga	cttcgaggct	cgcatcgcg	240	
tggtgccact	gttacaggca	gaaaccgacc	ggaggacctt	gcagatgctt	cgggagaacc	300	
tggaggagga	ggccatcatc	atgaaggacg	tgcccgactg	gaaggtgggg	gagtcctgtg	360	
tccacacaac	ccgctgggtg	cccccttga	tccggggagct	gtacgggctg	cgcaccacag	420	65

```

aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccctg tgcctccgg 480
ccacctggat ccctgcccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaaggaga gagtgggccc ccgta 595

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

40

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaaagt acctaactaa gaagtgtgct gaactacgca gccccaatga gttcaagggtg 240
tacatggggc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggg gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtatcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtgggtcag cggatgacgg agccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacctttt 600
ccaacttgcc caggggaagt gaggttcctt ctttccttcc cctcttgta ggtcatccat 660
gacttttaga aacagacaca agtgatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctctg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26 :

25

```

ccttagtact gcggccgtgt gggtagagtg gctgccggtg agttgggtgc cggtaggagtc 60
gtgttggtcc tcagaatccc cgcgtagcgc tgcctcctcc taccctcgcc atgtttctta 120
cccggtctga gtacgacagg ggcgtgaata ctttttctcc cgaaggaga ttatttcaag 180
tggaatatgc cattgaggct atcaagcttg gttctacagc cattgggatc cagacatcag 240 30
aggggtgtgtg cctagctgtg gagaagagaa ttacttcccc actgatggag cccagcagca 300
ttgagaaaat tgtagagatt gatgctcaca taggttggtc catgagtggg ctaattgctg 360
atgctaagac ttttaattgat aaagccagag tggagacaca gaaccactgg ttcacctaca 420
atgagacaat gacagtggag agtgtgaccc aagctgtgtc caatctggct ttgcagtttg 480 35
gagaagaaga tgcagatcca ggtgccatgt ctcgtccctt tggagtagca ttattatttg 540
gaggagtga tgagaaagga cccagctgt ttcatatgga cccatctggg acctttgtac 600
agtgtgatgc tcgagcaatt ggctctgctt cagaggggtg ccagagctcc ttgcaagaag 660
tttaccacaa gtctatgact ttgaaagaag ccatcaagtc ttcactcatc atcctcaaac 720
aagtaatgga ggagaagctg aatgcaacaa acattgagct agccacagtg cagcctggcc 780 40
agaatttcca catgttcaca aaggaagaac ttgaagaggt tatcaaggac atttaaggaa 840
tcctgatcct cagaacttct ctgggacaat ttcagttcta ataatgtcct taaattttat 900
ttccagctcc tgttccttgg aaaatctcca ttgtatgtgc attttttaaä tgaatgtctgt 960
acataaaggc agttctgaaa taaagaaaat tttaaaatta aaaaaaaa 1008 45

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 50

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttataaaaaa aaccgcctgg tcttgggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gtaggcggtc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
15 gggttcaggcc cttaataaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tgggtactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
20 gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atgtgtgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggtctta gggttaatttt 660
25 taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttatggcca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtagctataa agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
30 acctaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
gggtccagaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgc1080
ttagtgtctg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggt1140
35 ttaagcatcc ttttttttgg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttgtt actcaaagg1260
taagacagac aataataactt cactgaatat taataatctt tactagttaa cctcctctgc1320
tctttgccac ccgataactg gatattcttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc1440
40 agtgtgcagt ttaggggtca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgcc1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattctt taattggaat1560
aatggatcaa aaatagtggg tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatcaa1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttggg ggaatttga1680
aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaaagg actgatttat gggtctttcc tatcttaacc1740
45 aacgttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgttagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattat1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtgggtattga tggagtgggt ggattttcct1980
50 ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct ttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaia aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaataaa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25

```

tgtggggccac tgtggtagtg gaggtgggggt gtttggggagg ctgcggtgccg gtcaagaaga 60
aaaagggtttg cattctcaca ttgccaggat gataagttcc tttccttttc tttaaagaag 120
ttgaagttta ggaatccttt ggtgccaaat ggtgtttgaa agtagggacc tcagagggttt 180
acctagagaa caggtgggttt ttaagggtta tcttagatgt ttcacaccgg aagggttttta 240
aacactaaaa tatataattt atagttaagg ctaaaaagta tatttattgc agaggatgtt 300
cataaggcca gtatgattta taaatgcaat ctccccttga tttcttctgc ctttgatgtt 360
acagatttaa tacagtttat ttttaagat agatcctttt ataggtgaga aaaaaacaat 420
ctggaagaaa aaaaccacac aaagacattg attcagcctg tttggcggtt cccagagtca 480
tctgattgga caggcatggg tgcaaggaaa attagggtac tcaacctaaag ttcggttccg 540
atgaattctt atccccctgcc ccttccttta aaaaacttag tgacaaaata gacaatttgc 600
acatcttggc tatgtaattc ttgtaatttt tatttaggaa gtgttgaagg gaggtggcaa 660
gagtgtggag gctgacgtgt gagggaggac aggcgggagg aggtgtgagg agccccaaca 720
acttctgtc ctactaccgc ctcacacgct tcctctccag agtgatcaag tgtgaccggg 780
actgcctccg ggccctgccg gagcagatcg aagccctgct ggagtcaagc ctgcgccagg 840
cccagcagaa catggacccc aaggccgccc ggaggaggga aaaggaggag gagggagggtg 900
acctggcttg cacaccacc accgctgcggg acgtggacat ctgagggcgc caggcaggcg 960
ggcgccaccg ccaccgcag cgagggcgga gccggcccca ggtgctcccc tgacagtccc1020
tcctctccgg agcattttga taccagaagg gaaagcttca ttctccttgt tgttggttgt1080
tttttccttt gctctttccc ccttccatct ctgacttaag caaaagaaaa agattaccal140
aaaactgtct ttaaaagaga gagagagaaa aaaaaaatag tatttgcata accctgagcg1200
gtggggggagg agggttgtgc tacagatgat agaggatttt ataccccaat aatcaactcg1260
tttttatatt aatgtacttg tttctctgtt gtaagaatag gcattaacac aaaggaggcg1320
tctcgggaga ggattaggtt ccatccttta cgtgtttaaa aaaaagcata aaaacatttt1380
aaaaacatag aaaaattcag caaaccattt ttaaagtaga agagggtttt aggtagaaaa1440
acataattctt gtgcttttcc tgataaagca cagctgtagt ggggttctag gcatctctgt1500
actttgcttg ctcatatgca tgtagtcaat ttataagtca ttgtatgtta ttatattccg1560
tagtagatgt gtaacctctt caccttattc atggctgaag tcacctcttg gttacagtag1620
cgtagggggg ccgtgtgcat gtcctttgcg cctgtgacca ccacccaac aaaccatcca1680
gtgacaaacc atccagtga ggtttgtcgg gcaccagcca gcgtagaggg tcgggaaagg1740
ccacctgtcc cactcctacg atacgtact ataaagagaa gacgaaatag tgacataatal800
tattctatatt ttatactctt cctatttttg tagtgacctg tttatgagat gctggttttc1860
taccacaagg ccctgcagcc agctcacgtc caggttcaac ccacagctac ttggtttgtg1920
ttcttcttca tattctaaaa ccattccatt tccaagcact ttcagtccaa taggtgtagg1980
aaatagcgct gtttttggtt tgtgtgcagg gagggcagtt ttctaattga atggtttggg2040
aatatccatg tacttggttg caagcaggac tttgaggcaa gtgtggggcca ctgtggtggc2100

```

```

    agtggaggtg ggggtgtttg gaggtgcgt gccagtcaag aagaaaaagg tttgcattct2160
    cacattgcca ggatgataag ttcctttcct tttctttaaa gaagttgaag tttagggaatc2220
5   ctttggtgcc aactggtgtt tgaaagtagg gacctcagag gtttacctag agaacaggtg2280
    gtttttaagg gttatcttag atgtttcaca ccggaagggt tttaaacact aaaatatata2340
    atttatagtt aaggctaaaa agtatattta ttgcagagga tgttcataag gccagtatga2400
    tttataaatg caatctcccc ttgatttaaa cttctgcct ttgatgttac agatttaata2460
10  cagtttattt ttaaagatag atccttttat aggtgagaaa aaaacaatct ggaagaaaaa2520
    aaccacacaa agacattgat tcagcctgtt tggcgtttcc cagagtcac tgattggaca2580
    ggcatgggtg caaggaaaat tagggtagtc aacctaatgt cggttccgat gaattcttat2640
    cccctgcccc ttcctttaaa aaacttagtg acaaaataga caatttgcac atcttggcta2700
    tgtaattctt gtaattttta tttaggaagt gttgaaggga ggtggcaaga gtgtggaggc2760
15  tgacgtgtga gggaggacag gcgggaggag gtgtgaggag gaggtctccg aggggaaggg2820
    gcggtgcccc caccggggac aggcgcgagc tccattttct tatcgcgctg ctaccgttga2880
    cttccaggca cggtttgga atattcacat cgcttctgtg tatctctttc acattgtttg2940
    ctgctattgg aggatcagtt ttttgtttta caatgtcata tactgcatg tactagtttt3000
20  agttttctct tagaacattg tattacagat gccttttttg tagttttttt tttttttatg3060
    tgatcaattt tgacttaatg tgattactgc tctattccaa aaaggttgct gtttcacaat3120
    acctcatgct tcacttagcc atggtggacc cagcgggcag gttctgcctg ctttggcggg3180
    cagacacgcg ggcgcgatcc cacacaggct ggccggggcc ggccccgagg ccgcgtgcgt3240
25  gagaaccgcg ccggtgtccc cagagaccag gctgtgtccc tcttctcttc cctgcgcctg3300
    tgatgctggg cacttcatct gatcgggggc gtagatcata gtagttttta cagctgtgtt3360
    attctttgcg tgtagctatg gaagttgcat aattattatt tatattataa caatgtgtct3420
    acgtgccaca gggcggttga ctgtagga                                     3448

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

    gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
    tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcgaac 120
65  agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
    tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
    aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300

```

```

ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcagggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aacctatgagt ggaaaaaact aattatgggt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgcgcgcc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960
gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg ctatggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gccagtcctt ctatccccc ctaaaaaaga ccaagcattg atgcccaggt tttggaaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcgga ttgttttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcctg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacagggtggc accgggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttccccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc
1574

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg ttaaatcggg tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
gggtgtgtgt ccgctgccgc gcgaccgccc agcctcgta gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc cccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtggtgcca 240

```

```

gggtactgggtt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttactttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
5 cttcttctctc tgccttggtt ctcttttatt ttttattttt tgcgcatcagt attaatgttt 480
ttgcatactt tgcattcttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatgggtg 660
10 aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
ccagatttaa aaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaaact 840
tttactttat ctcattgttag ctgtaccagt cagtgtattaa gtagaactac aagttgtata 900
ggcttttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
15 ggggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatattccaga agcacatgaa 1020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcatcttgg accttttaaa 1080
acacaaaatt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat ggttactgtt tatactgtgg 1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa 1200
20 aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac 1260
tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc 1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa 1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc 1440
taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttatgtgt 1500
25 gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag 1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca 1620
tttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt 1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa 1740
30 gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtgaga gtctatagaa 1800
tccatactgc agatgggtca tgaatgtgta ccaaatgtgt ttcaaaaatt gatgggtgat 1860
tacctgctat tgaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc 1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc 1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca 2040
35 tcttggtact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac 2100
tagtttaact cctctgctct ttgccacccg ataactggat atcttttcct tcaaaggacc 2160
ctaaactgat tgaattttta gatattgtat aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg 2220
ttttgctgtt tttgagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt 2280
40 gtaacaactg aatgccaaat cttaaaactc ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac 2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt 2400
gctactaata aaatcaata acacttagaa gggatatgat ttttagttag ggtttcttga 2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtta ccaaaggact gatttatggg 2520
45 tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcttggt 2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca 2640
aaaatcctgt tagcaaaact ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt 2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg 2760
agttgggtgga ttttcctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt 2820
50 tttgtacatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa 2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actctgttac agttcagtat tgtctattaa 2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtggtt acaaaatact tcctctgggt 3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat 3060
55 aaaaaaaaaa
3070

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

25

tggggctgga	gtgcactagt	ctttttgctt	ggtagttttg	catggtttag	ggttaaaaat	60
aattccgaag	atacaccagc	tcacaaatga	aaacgtcagc	ctctgcgcca	ccctccctcc	120
tgcccaaagt	gaatttggtg	ctcagaaaag	aactgtttat	accactcacc	tttctcccag	180
catgtactca	ctgtgggcag	atgcaccaat	acatggtaat	cctcttactc	attttaagac	240
gtaggaaact	caatattctt	ctctaaccat	atacgatagg	gctcttcgct	tttaatgata	300
tctgggattt	ctgtggaact	tggcaaattt	tcagagcacc	ttcactcaca	taatgtcatt	360
tgaacctcac	aatgttcttg	ggatggagtc	agttgttcag	gggtcccctg	tgtgtgataa	420
gcagtgtctg	ctggctgtct	tcagaactct	tggaaatctt	tacacatgcg	agtgttaacc	480
acttttagca	aggctgcctt	cttgtagatg	acttgctgtt	ctttatgaca	gggatcagtg	540
gcatttgttt	cctagcagta	tttagcacct	ttttgccacc	ttggtgaaca	gaaaattgta	600
ttttcctgtc	tttcatggct	gaaaacaaaa	gtaatgggaa	ttttaaatat	gtttgcagaa	660
actgcccctc	ccctcattga	gggtcactgc	tcaagagtgc	aggagtggac	ctccactga	720
tgggtctccc	tccccatcct	ggtttccacc	ccgggctggc	tagctctgtt	ggtttgaaga	780
ctgacagcca	gcctggctca	ttctcattat	tggctagtta	gctttcttta	tcaacctgct	840
cactcacaaa	tgtgtgccct	cagccagaga	gtaagaaagc	ccaaatctgt	tacagcttct	900
aaaaaaatag	atttctaatt	tgtcctactc	atgttaggag	cattatcttt	gaaggtaaaa	960
catagtgtat	catttgtgtaa	actcccaggc	ttgatgtagc	agaagagatc	atttctggag	1020
gcttcagcaa	tggaatttag	cattataaga	gagattggac	aaaccagtcc	aaagtgggcc	1080
gagttcttaa	atccaggtag	ggaactcact	cttctttctt	ctctggacct	aattgggcat	1140
tgggcttttag	tgagaccaca	gaccaggccc	gtctctcctg	taggctttta	attcaatggc	1200
aactctattt	caaagaataa	aagcctttgg	agagttgcgg	cagttctggg	ggcgggctca	1260
ggagagtcca	tagatcagcc	gtaactggaa	cgtagaatct	acgtctgcct	ctgaatggac	1320
ttccacacct	ctctctcttg	ctctgatgct	tgccctctgg	cctctccatg	cccaaggtag	1380
tctttcatcc	ttgacaggct	ggtaatgtgc	tggccacctc	cagctcctgc	atcgagtctg	1440
taaaccagag	ctggttctca	tggccttcgt	cacgatacca	ggatacggag	gggagcccag	1500
ggccatccat	accaccccca	gggtaacggg	gctggcctgg	cattagtcat	tatttagttt	1560
ccaggccaac	catccagata	gagattccct	ctttcctttg	agcagtgcct	tcaagagctc	1620
cgtgcctgtc	cacaatgacc	tagagtgcac	cctgctcatt	gtcagtgtag	cccctcgccc	1680
ctatatccat	ccaggatact	tggaaagtgc	aaaataggaa	gggattcggc	tttcaacttt	1740
gctaccatct	tccctgaagc	aggaaaaatga	acatggactt	aaatgttctt	tgaaaaaacc	1800
aaagttttaa	gatttgctgt	gtgatgaagt	gacagggagg	gccggagtcg	gcagggtcca	1860
gactttctgt	tctgtctgcc	atgggtttgt	ccagctcagg	tagctctagg	agccatccct	1920
tgccctagca	gagcccaggc	cttgccctca	tgaagcatca	ttgaaatagc	aggagcatgt	1980
tgatttcttg	gttaggttgc	attataataa	caagagtcag	aacattaatt	cgaacaactc	2040
tgcagtatgc	atttcttcac	accagtacat	tcttaagtgt	acttgittat	aaggaataac	2100
ataaactaat	ctgtaccttt	atataatgt	gtgtgtacat	atatacatat	ataaactgta	2160

65

```

tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg cccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttcctt gatgatttgg ccacctcct2280
gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
5 atgctcaggg tcccacatgt cctgttggtc agccctctct cttgttcctt ttctgagcat2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg cttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccagctca gttacacatt aaagccagac2580
10 cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagca ttgtgtaaat2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggt aattttctgt atatttggaa tatttggggt2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggcgggg aggggggggg cggatgcggg gacagcgcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctgcgcgct gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttacgctgg cgccagcct ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggt acgccggcct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctacagcatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtgggt 360
cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
ggtgcccgcg aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
gcactaccgt ggccttggtc cagggtgagc cgctggccgc ccgctgctc taccctacc 540
tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgct atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggctg ccagagttag tgcccgccc accagggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccaggggt cagcagagct tcagaggtgg cccacacctg 780
gccccacccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttggaaac 840
65 tggaaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgctcctttca tccgggcggt tgcctgcagc aagatggcgg cggctcctaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaagggca gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120 35
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccaggggagcg atgggaaaat 360 40
cctttgatgg gttgggcac caccggctgat cccttatcca acatgggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggtc caaaacccaa gtccaagtct tatgggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtattttata gtccatgtat aataaatata tctcttaatc tcctaataaa 660 45
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa 693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
20 ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggggtccgc gtcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gtcaccggg accccctgca cccctacgcc 240
gtcccttggc agtcctccat gcccagtc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggg ctcaggccag 360
25 gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgcct gctgaagtga tcacccccg ccccagccc tgcacagggc 540
cacaggctct ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcaggggat 600
30 cccaggcccc ccgcgcaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 560
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggt ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
35 gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt tgtgccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

aaaaatat	ttt	gctggaaag	g	acggtgggag	gattacaggc	gtgagccact	gcgcccggcc	60	5
acattcagtt	cttatcaaag	aaataaccca	gaccta	aatct	tgaatgatac	gattatgccc	120		
aatattaagt	aaaaaatata	agaaaagggt	atctta	aaata	gatcttaggc	aaaataccag	180		
ctgatgaagg	catctgatgc	cttc	atctgt	tcagtc	atct	ccaaaaacag	taaaaataac	240	
cactttttgt	tgggcaatat	gaaattttta	aaggagtaga	ataccaaatg	atagaaacag	300			
actgcctgaa	ttgagaattt	tgatttttta	aagtgtgttt	ctttctaaat	tgctgttcct	360			10
taatttgatt	aatttaattc	atgtattatg	attaaatctg	aggcagatga	gcttacaagt	420			
attgaaataa	ttactaatta	atcacaaatg	tgaagttatg	catgatgtaa	aaaatacaaa	480			
cattctaatt	aaaggctttg	caacacaaaa	gaaagaaaaa	aagaaaagaa	aagggaagg	540			
g						541			15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg	ccattcacca	acccggcccc	caaggacgga	gcaatgttct	tccactggcg	60	50
acgtgcagcg	gaggagggca	aggactaccc	ctttgccagg	ttcaataaga	ctgtgcaggt	120	
gcctgtgtac	tcggagcagg	agtaccagct	ttatctccac	gatgatgctt	ggactaaggc	180	
agaaactgac	cacctctttg	acctcagccg	ccgctttgac	ctgcgttttg	ttgttatcca	240	
tgaccggtat	gaccaccagc	agttcaagaa	gcgttctgtg	gaagacctga	aggagcggta	300	
ctaccacatc	tgtgctaagc	ttgccaacgt	gcgggctgtg	ccaggcacag	accttaagat	360	55
accagtattt	gatgctgggc	acgaacgacg	gcggaaggaa	cagcttgagc	gtctctacaa	420	
ccggacccca	gagcaggtgg	cagaggagga	gtacctgcta	caggagctgc	gcaagattga	480	
ggcccgggaag	aaggagcggg	agaaacgcag	ccaggacctg	cagaagctga	tcacagcggc	540	
agacaccact	gcagagcagc	ggcgcacgga	acgcaaggcc	cccaaaaaga	agctacccca	600	60
gaaaaaggag	gctgagaagc	cggctgttcc	tgagactgca	ggcatcaagt	ttccagactt	660	
caagtctgca	ggtgtcacgc	tgcggagcca	acggatgaag	ctgccaagct	ctgtgggaca	720	

65

```

gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag gagctgggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
5 gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcca caccagcatc aggccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc1020
atcattgatg tgggtgggcgc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtggc1140
10 gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt cggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

45 gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaaaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
50 aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac ctttctctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttctccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
55 gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
gggtgtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
60 gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctcttgagg gcctcctgca gaaggacagg acaaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc1080
65 acgacctacg gcactttgac cccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca1140

```

```

agtccccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag1200
gcttttccta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta1260
aaggattttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttgggtggagc cgccagctga1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctctcagtg agtcatgag gttttcattt1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaacgagc gttagagtgc cgccttagac1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggctctc tgcagatctg1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt cttatttttc cctgtggat atgctgtgtg1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt1740
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt ctccatatt tggagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtttaataact aaaatttatt gaaatggct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggc ttttatggac caatgcccc agtgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt ttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatatta2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaaccac cattttaatg tactgtaatt aacatgggta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccctg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctacagatac gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc ctttcggtg ttgggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggaag agccaagctg ctcaaccagg 240
tactgggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccaccca caggtggtat ttgtgtcact 360

```

```

5  ttggccagtc tctaattccat gtcattcagg tgggtcatcg ctacttcac atgctggccg 420
   taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
   acctagccta cccacttctc agcacagctt agctgggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
10  tggagggaca tggagccccc tcttccagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
   ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
   ccctggagtt cggaagccat tgcagcaacc ttcttctca gccagcctac atagggccca 720
   ggcattggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
15  gtggcaggggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
   agatttcaag ccaggggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
   agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960
   ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
   acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tttttttccc1080
20  attgaactcc tagttggcaa ttttgcat tcatataaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
   tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagacctt tttccctttc ttggggagag1200
   aataagtgac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
   ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
25  tggccgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
   cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
   ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
   tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
30  tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac tttataaaaa aggaaagaga1620
   gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
   tgggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaataatat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
   agaaaaaagt agcaggggt

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

65  ggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaaat 60
   aagtcacggt tgattggtcc gccctgagg ttaattctaa aagcccaggt taccgcgga 120
   aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180

```

DE 198 13 839 A 1

```

tgcgcgcttg cgttcgctt cctggcctc grttcctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcactggga gcgcttcatg 300
tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactggt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaacc tgcgaggct tccctgggag ttttgatac 600
tacgacattg atgccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660
tgttactgtg acagtgttga aaatttgga gatggttata agcacaatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatac gtggcccttt 780
caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct 1020
gtccttttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataagg acgtaattgc catcaatcag gacccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacaggag acaactttga agtggtggaa cgacctctc caggcttagc ctgggctgtat 1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgtctt ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa 1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaa
1447

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtccttc ttgctcacc ttgacttggg aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actcctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttcc 180
tgacagggtc tcaatttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240

```

```

cagcctcaac ctcccagagg cggggtctca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
5 cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
10 caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 20 (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctcttgcca gccagcccc tggttcccta ccatacccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
50 agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
55 agtccttga tgggtccggg aactcgctg gccacaagg gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct cctcctgtc catccccac attccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

```

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcagggtcc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaattggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggctcg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcagggtgcc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatgggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccagggtg gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttta caggattctg cccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggagggtttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gattttttgga gagccctgat 120
20 ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaaa aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
25 agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgttac agttccttga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaaatctt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagagggtga tgttttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
30 cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccagggtg cagaaagggc attgtacttc 720
tggataaacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaat 780
atgtttgcca gtttgataca aattttccaa gaacactgga atccgacat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgaa atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
35 agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaatct tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatac1200
40 ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaatac1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgacataa gatattgtag tctgtctgtt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
45 cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaagg1500
atcatcctta ccttctctt tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct1560
aaccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaaccac aattcttcag1680
50 attgttcctc atgaatatcc ccttcctct gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal1740
gaggcagctc aggtgaatta cccagcttgc ctctcaattc attcctcctc ttctctcaal1800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt cctcctgac1860
ccagggatgg aggtcttgag tcccacagt tggtgatata gagcactagt tgtcactgcc1920
tggctttatt taaaggaaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
55 tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca tttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaa2160

```

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 642 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

cgacgggccc	cgcgccctggc	gcatgcgcgc	cggcgaccac	gcctaaatag	ccgcagcctc	60
cgcgcgctgc	cctccacggt	taccccggt	ctccgcccct	ccttctcgcg	gcgctcgagg	120
gacctggcc	gacccctcgcg	tgagacagat	caagatcaag	accggcggtg	tgaagcggtt	180
gggtcaaagaa	aaagtgatgt	atgaaaaaga	ggcaaaacaa	caagaagaaa	agattgaaaa	240
aatgagagct	gaagacgggt	aaaattatga	cattaaaaag	caggcagaga	tcctacaaga	300
atccaggatg	atgatcccag	attgccagcg	caggttggaa	gccgcatatt	tggatcttca	360
acggatacta	gaaaatgaaa	aagacttggg	agaagctgag	gaatataaag	aagcacgttt	420
agtactggat	tcagtgaagt	tagaagcctg	aaacttttct	cgtatggggg	ggtttttgca	480
ttaaatacctg	gggtccattt	tacaatccat	tatttttgac	caactgcta	tgtgggtcaag	540
gagggatgag	gaattgtcga	ttggttttta	gctgggttaca	atataagatt	cgtttgcgta	600
atttgacaat	gcaaagaaaa	tgggggcacc	cgattaataaa	aa		642

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

10  ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggt agagcggagg agcgggtgcc 60
    ggctgaagcg gggcgggtgg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
    agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
    cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccc 240
    cgcccgccgc agcctggagc ttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
15  ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
    gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
    ggcgcccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
    accgggcgcc acatctactt cacgctggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
20  gccccctgga agatcccggc tggaaacgcc agatcacctt aggcctggtc aagttcaaga 600
    accagcaggc catccagaca gtgcggggcc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
    cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tcttgaggct 720
    aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
25  tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
    gagggcagaa ggctacgag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
    ctccaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
    gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020
30  cttagcccc tggctttgtg ccaggccttg aggagggcag tccccatgg ggtgccgagc 1080
    caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaagg gaggaccag ggcctggtac 1140
    ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
    aagccactc ctgggggtct cctgtgctt agtcctttt gggaccccca cccatccagg 1260
    ccttttctt gcacattct tccccacct ctacgcatc tcccccaact gcggtgttcg 1320
35  gcctgaagg ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccccaal 1380
    atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa 1415

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

gcgcagcgcg	agtgtgtagc	ggcaacatgg	cgtccaggtc	taagcggcgt	gccgtgga	60
gtgggttcc	gcagccgccc	gatccccag	tccagcgcg	cgaggaagag	gaaaaaga	120
cgaaaatga	ggatgaagac	gatgatgaca	gtgacaagga	aaaggatgaa	gaggacgagg	180
tcattgacga	ggaagtgaat	attgaatttg	aagcttatcc	cctatcagat	aatgattatg	240
acggaattaa	gaaattactg	cagcagcttt	ttctaaggc	tctgtgaac	actgcagaac	300
caacagatct	cttaattcaa	cagaaccata	ttgggagtgt	gattaagcaa	acggatgttt	360
cagaagacag	caatgatgat	atggatgaag	atgaggtttt	tggtttcata	agccttttaa	420
atttaactga	aagaaagggt	acccagtgtg	ttgaacaaat	tcaagagttg	gttctacgct	480
ctgtgagaa	gaactgtgaa	aagagcatgg	ttgaacagct	ggacaagttt	ttaaatagaca	540
ccaccaagcc	tgtgggcctt	ctcctaagtg	aaagattcat	taatgtccct	ccacagatcg	600
ctctgccccat	gtaccagcag	cttcagaaaag	aactggcggg	ggcacacaga	accaataagc	660
catgtgggaa	gtgctacttt	taccttctga	ttagtaagac	atttgtggaa	gcaggaaaaa	720
acaattccaa	aaagaaacct	agcaacaaaa	agaaagctgc	gttaatgttt	gcaaatgcag	780
aggaagaatt	tttctatgag	aaggcaattc	tcaagttcaa	ctactcagtg	caggaggaga	840
gcgacacttg	tctgggagcg	aaatggctct	ttgatgacgt	accaatgacg	ccctgtcgaa	900
ctgtgatgtt	aattccagcc	gacaaagtga	acgaaatcat	ggataaactg	aaagtaatac	960
ctactgtcta	accattttcc	aatggacagt	gatgggcttg	tttttgtaaa	attaccagaa	1020
taactcagtg	agattttact	aaaaactcag	actttattca	gattaagttc	ctctacaaaa	1080
gtaggggttc	tgtcccatgt	gtctctgaca	catttacaaa	ataccagttt	tttaaaattt	1140
gggtcaaatt	atgagtgggt	gatttaaaaa	cttttccaag	aagaagaaaa	gcatggagtc	1200
gtaattttaa	gaactcaata	aaaacttcta	ttttttatit	taaaataata	tacacagtg	1260
taattttctt	aagaccgtcc	tgtggatgtg	aaatccgtct	tcgcgtcatg	tatctcccat	1320
ttccagcagt	tcagccatcc	agctaccttt	gggaccctgc	tgcaccttgt	gtttgctggg	1380
gagtcactgg	agagtgcac	tctgttcagt	ttcagggcac	gtctcacaca	tttgctgttc	1440
cttattcatt	gttgacacag	gggataggtg	atccactact	tgctgtagaa	tgtccttact	1500
ctcactagga	ggcagattac	tgaatatagta	ttgtggtacc	agctgcataa	atagttcagg	1560
cgagatttct	gaggtaatcc	tgatgtagtt	gttctcagaa	atgctgaatt	tatggaagag	1620
gacccactct	ggcatcttct	tggtgattga	gtaaccagac	aggggatgca	gctgagcaac	1680
ctgcttatgt	gtcagcatta	agtagttacc	tgatccatca	acatcccag	caatctgcat	1740
aaagtaaccg	gacagaagag	ctttctttat	gttttagagt	ttttccttgg	agccaaaagc	1800
aggttctgca	tagggaagct	cgattcgctt	gataatttct	aagagttcag	ctcgaataac	1860
ctctgccatt	ctgagtgtct	aacagttgag	gaagtaatca	cgacaccact	tttccacacal	1920
ctactacatg	ctagaattca	gagtgtgtgc	ttggtaagcc	ttgtaaatgc	tgatgagggt	1980
aaagtgatct	ccttcgggat	gtaaaaatgt	cttccaacaa	gtcaaggcag	cctcttcagc	2040
cccatgtggc	acatgtgaaa	agcaatttgg	agctgttacc	atggccgcga	ttgttagcac	2100
ctcatctaca	cagtcaaatt	cacaggacgc	taagatagac	ttcgagagtt	gtggatcaag	2160
ggaaaactct	gacatgatga	ttccaaaatt	agaaagattt	ccatcattat	ccagtgtctgc	2220
agataaatct	aagtcttcca	atgcctgcat	caaaactttct	ggtgtgtgtc	tgttcatgaa	2280
tcacagtg	cctaggcccg	caatgtctat	cctcttcata	aaaagcacca	tgttgttag	2340
ttggcttcc	tgcatttctg	ctggcttcag	tggcgtcatg	tctttggagg	caaattcttc	2400
gtgtacagg	cagaaaaatt	ttccigaaga	agatgagcca	agaatctgct	tgcgtatctc	2460
gcctggctc	tggctgatgg	gctgcatgac	gagcgagttt	gctcttattc	tcgggttgta	2520
acctttctt	ctttccacac	ccacatcgat	aacaaatctg	actgagttgc	tccagatcaa	2580
aaactctcca	gagctagtag	ttaacaccac	tcttctttga	taaacttggc	atcttttttc	2640
gtttcatcg	agtggcttga	acaaagaaca	ttctctttt	ggatacaaag	gaacaacca	2700
agtttctcca	agatctggg	ttaggttaga	cccttgatag	acagtttcac	agactttctc	2760
atatacttgt	tcacaggcca	gaaagctac	aatgtcacct	ttctcaccgg	agtggtgaat	2820
ttcaaagata	aggcgtaaaa	tagactcaaa	agaattcctt	tgagcctcac	taaggtagac	2880
acctccaca	gggtgtttat	ttttacttcc	tatgacaggc	acgtttccat	aataagaatt	2940
agtttgct						2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg ggcgggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aagggaactg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

15

tcaccaccga	gtgatgtgct	gaggcctcct	gcagtgaatg	ctccttccat	tcctgtactc	60
aggcagtgcc	attcagcaca	ggagagctct	ttttgccttt	ggctttcaat	tccaaaacat	120
gatttaattt	ctaactaaat	tagtatggca	ctagttatga	agtatctgct	taaaaccctt	180
catcatgata	tcctgtggat	ttaaaaactc	taattccatg	ttttcttccc	atctgcctta	240
tatatctcat	caccctgctt	atcaatattc	agtttgatga	gcactattaa	ctaaaatatg	300
aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgctctta	aaagttcttt	ttttaagtaa	attggtgaca	360
tactgcaaat	tttctatgca	aacttgccctc	ctgctgttat	ctgtgaagct	caggaaatcc	420
aaacatttgt	gtttcaacaa	gggacagtaa	actgtgtgtt	tacagccaaa	agaaatgcct	480
catagttctt	aacctcaact	tttgtagaag	tatttttttc	tctgtaatat	ttttattggc	540
tcataaagat	gttttcatat	ctgaactcct	aaataagtga	aattacagta	gattatatta	600
acaaaatact	ttttaggtag	ccatgcttga	gactttttta	aaatataact	ttttccttaa	660
agttttcagc	tatagcaaaa	ggtagttatg	tatgccagac	ctaatatgag	ctgccaccaa	720
cacccttaga	actttcagcc	atgggtgtctt	cagaattgta	gcgcatttct	gaatctaggc	780
aaatcctcct	tttacccggt	gaatgttttg	aatgccttga	ctctaccagc	gcccataaat	840
gatctctagg	aagggtctgt	aggtaccaat	tctgtttttt	caactttgga	aggtaaaaac	900
cccg						904

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1239 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttcgctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtcc 180
gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300
ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatattg cattaaatta tttccatata ttatataata ggtccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatattt cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaaccctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg ctttttagttt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag1080
taaagactct gtcattgcaa ttttaaccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtgggttct tcatttttga tcatgcgaaa tgcattttga cccagatggg ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 966 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:


```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgtgg gccgcgctgc tcctaggggc cgtggcgctg aggcggcgcg aggcgggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gccggcgcg gcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccggggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggaggagc 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg ccccgaggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagagggtgcg 360
gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gacaaaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cgggtgaagc gaaggggcct 600
gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgtc cggaggggct tgcagggttg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagagggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccact tcctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcaaaaaga ggggtgggaa caagtggggg 840
ctatttttgg gaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttcc cggtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg 60
agcgggcggc gcgagcgga ggcggcgcg cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgcct gccactggt cagccttcag ggacctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttgcgccagc tgcctcttc cttcccgcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggccctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgccctctgc tactttctt ccggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatcgc catcctcttc ttgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gcccgcaag acctga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cggggggagtg aggagaaagg gggggccttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
35 atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actacttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
40 accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaaag gccggggccc gcaaggatcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggccctcatc tcccagaccg ggccacgctg 600
45 tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tgaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
50 gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtcctccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag1080
55 ctgtgcgagc tgcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccgccc1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct1200
ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg1260
actgtgtttt tcataactta tgttttata tggttgcatc tacgccaata aatcctcagc1320
60 tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga 1349

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

30

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccaactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaaccaa ggctgggggt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag cctcttctc ctcttccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtcct 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggaccag attttagat ctcttctgtc 600
gggggagggg aaggatgtgg ttgacagagc ggaagcagag ttgggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctacgtgagg aggtgtgagt gggtgagcat gtggagttgg 720
gtgttccac cctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcaattcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatggtct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtcagggt 1020
ctgtgcccg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttct ctatttgggt 1140
ggtattttcc cctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgtcct gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gaccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctaggagggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgaga 1320
agggtaacct ccacgttct ctctcccaa ttggaaatga agacagggtt tcaaaggcac 1380
aggctcccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggcca gttaggggtag 1440
gcagcttgca cccagttct ctttatctca acttatttct ctggggagag gtgctagag 1500
ggattgagg aacttcaact gggaattcca aggaagggtg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacct 1620
ctgaaaagt gggaactgag ggtgccttc attcccttt gttaacttt tccagctca 1680
cttgggactt ggggtggtgg actggagacc tcaccctgtc tccggtcccg cccctttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagacct tcctaggagg caggggaggg aagccacaga 1800

```

65

ttgcaaacc aggggctcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatacct cagcccaaag1860
 gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccgggac ttgtatcttt1920
 gtataacgga tggtatttgt acgaaggga gttcgtaaac agcacttggt cttttaataa1930
 5 aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 15 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

40 ggcaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
 gtctcgtggg tcctgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
 gcttgatgc cctcaggggt gctgaccct gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
 atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
 gatgggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtgggtcac 300
 45 ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggctttggc atgacttaag aggaaggga 360
 gtcttggggc cgctatgcag gtccctggca acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
 tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480
 gaggttcctt ccaggggctg gactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
 50 ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtagggtg 600
 cctgcatctg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
 aaaaagttca cagtcaaatg gggagggtga ttctcatgc aggagacccc aggccttga 720
 ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct ttctgcagca 780
 ctgctatcct ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
 55 tttttttttt aaactgagga ttgacattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

65

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcggaac cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120 30
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgtctc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccaactcgat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360 35
cccgagcgag agtccagaaa tgcagcggtc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgctcct ggactccatg gtggaggttc acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
ggcccacgga accgaacgtc gtgcccggtg ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggag cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggagggt 660 40
ggacgtgatc cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcggt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtctccttgg tctggttctg caccgctctc gctcccagcc atttgctggg 900 45
atgaccgtgc aggccggtga cacggccgca cctgcccaa agcgggcccgc ccgagcgctcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggcctc ggtgcctgct gtgaactgct 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aaatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggcccctcc 1140 50
gcccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcag gt 1212

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctagggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtgaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctgggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgacacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttcac tgcctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc 494
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 729 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

tttttttccct tgggaagcag gaggtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg ttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttcctt ttctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct ttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggaagggc 240
ttgccaagca gcgtgaagt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagt caccacggca aagagcctgc catactgcc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttctcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tgggtgaactc agggatgtt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggaggc tgctccgggc 600
cccgaagtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660
aggggaagt ctgccatggc cgcgcctatc ttcccgcagc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcgaacc 729

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1315 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat cataccact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggaagcag aaggagggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tgggtgtgag tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcagggtg gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg agggccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540

```

```

aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggagt tcctttttaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcatccg agtcacccag 720
5 caggtgaatc caatcttcag gagggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccc aaggactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
10 aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca 1020
tcctgaagat tattaaggg aaaagatgct gattggtaca taaatctttt acatggcctt 1080
ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac 1140
cttcacatat ctataaagct ctgaagtgtt tgtatatttg aaataacctc ataaagagag 1200
15 agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct 1260
gctgcagagt ggggtggtgt agggtcagca ctgaccagc ggggtcaaga acaat 1315

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct cttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagcttt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
55 ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
60 ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggccttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
65 ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780

```


DE 198 13 839 A 1

```

atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtcag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaagatt gtctctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcagaggccc cctagtttct ccgtccctac acaggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020 5
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcaatgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt1260 10
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttattttaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaatgata taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcatt1500 15
gcatttgtga agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560
ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttaga1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800 20
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaaatctat ttctaaccta aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgc1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gagggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a 2011 25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaaggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagagg agaagagaag aaacataaag aagacaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtgcgaag agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300 65
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360

```

```

cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
5 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaac aaagaagaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaactctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca ttctctctt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
10 agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catggttgcc atgttggtta 900
aattttgtata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg tttttaggtt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
15 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgtaatatg1140
ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga1200
tgcagagggt tttaggctgt gatttcatca aaagtccctt tagcattcta cctcaaagg1260
acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
20 gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
agggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag1560
25 aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680
attgttctta caacttgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggcctt tccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
30 ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt1860
agtgcccaga tgacaagtga attttggaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtggta1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttgttaca1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc
2009

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgactttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctgggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccag ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca cccggcagc tgtggcgag gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcgagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgacgt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttctg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaaacg aggcgggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgaggga agaagagcaa gcacgcgccc 660
agaggcacc accgtggga gttcatccg gacatcctca tccaccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgag ctccgaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggcatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtggatg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaggagg aagaggttct ccagagctcg 960
aactgagggt tggaaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgct cccaccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactccctaa1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtcgg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc ctctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggcctttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgagggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtctgttta1980
ggactgattt ttcctattag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatggttt tgcatccag ccaagtgtgc tgtaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc agagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac tttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacaa tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcatctt cctccttccc ctctcttgta gccttttgac ttccattgga aattaggatg 480
taaactctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggtgttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
ggatttcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg ggttccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgcctctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaagtacaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaga atatttgggt ttctctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatatt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaag aggaagttaa gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtgatttc ccatcccctg tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc 1680
aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatt 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctggt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaaa aaaa
1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 687 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120 25
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360 30
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600 35
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggggtgtg 687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

5 gagcaacgct ggagcatccc gctctgggic cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
  tgttcccgct gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaataca 120
  ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
  tggtcacagg agctaataca ggtatcgga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
10 gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattgggt gccaaagaga 300
  tccagaccac gacagggaac cagcagggtgt tgggtgcgaa actggacctg tctgatacta 360
  agtctattcg agcttttgct aagggcittct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
  tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
  acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccga tctgctgcta gagaaactaa 540
15 aggaatcagc cccatcaagg atagtaaagt tgtcttcctt cgcacatcac ctgggaagga 600
  tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
  gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
  ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
20 tcatgagatg gatgtgggtg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
  agaccagcct gcaactgtgc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
  gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
  tgggggacgt cagttgtgac ctgctgggccc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg 1020
25 gaccacaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaatga ttctccttca 1080
  aggttttcaa aaccttttagc acaaagagag caaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt 1140
  ccagttaaaa ctcagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact 1200
  ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata 1260
  tgacctgcac agctcatttt cttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat 1320
30 agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctcccc 1380
  accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataaca 1440
  agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca 1500
  agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc 1528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68

tcaccaccga	gtgatgtgct	gaggcctcct	gcagtgaatg	ctccttccat	tctgtactc	60	
aggcagtgcc	attcagcaca	ggagagctct	ttttgccttt	ggctttcaat	tccaaaacat	120	5
gatttaattt	ctaactaaat	tagtatggca	ctagttatga	agtatctgct	taaaaccctt	180	
catcatgata	tcctgtggat	ttaaaaactc	taattccatg	ttttcttccc	atctgcctta	240	
tatactcat	cacctgctt	atcaatattc	agtttgatga	gcactattaa	ctaaaatatg	300	
aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgccttta	aaagttcctt	ttttaagtaa	attgttgaca	360	10
tactgcaa	attctatgca	aacttgcctc	ctgctgttat	ctgtgaagct	caggaaatcc	420	
aaacatttgt	gtttcaacaa	gggacagtaa	actgtgtgtt	tacagccaaa	agaaatgcct	480	
catagttcct	aacctcaact	ttttagaag	tatttttttc	tctgtaatat	ttttattggc	540	
tcataaagat	gttttcatat	ctgaactcct	aaataagtga	aattacagta	gattatatta	600	15
acaaaatact	ttttaggtag	ccatgcttga	gactttttaa	aaatataact	ttttccttaa	660	
agttttcagc	tatagcaaaa	ggtagttatg	tatgccagac	ctaatatgag	ctgccaccaa	720	
cacctctaga	actttcagcc	atggtgtcct	cagaattgta	gcgcatttct	gaatctaggc	780	
aatcctcct	tttaccggt	gaatgttttg	aatgccttga	ctctaccagc	gcccataaat	840	
gatctctagg	aagggtgtt	aggtaccaat	tctgtttttt	caactttgga	aggtaaaaac	900	20
cccg						904	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

RDTVVGDGTE	RSVTASASA	PRPWQSQTDS	DSDSEGGAAG	GEADMDFLRN	LFSQTLNLSGS	60	
QKERLLDELT	LEGVARYMQS	ERCRRVICLV	GAGISTSAGI	PDFRSPSTGL	YDNLEKYHLP	120	50
YPEAIFEISY	FKKHPEPFFA	LAKELYPGQF	KPTICHYFMR	LLKDKGLLLR	CYTQNIIDTLE	180	
RIAGLEQEDL	VEAHGTFYTS	HCVRPSAGTN	TR			212	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

DE 198 13 839 A 1

SNLVYVLSLH FPFVSFYLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

5

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

25

ATSEFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

50

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

60

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
20 AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSK 105

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLN 60
50 DRYLVQD TD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNM 120
SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLOQS L 221

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79	
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60	10
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:80:	15
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80	35
NLSPLPPPCT LACTCPHLCK VQLPSPGLCA LCLGCSGELM GGGVSTRGRL RGLVGP GMNI 60	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:	
(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81	65

ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQSPAP CSLLTRLRTW TS3SNRSRED SWLKSLFVRK 60
 VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLOFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
 WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLEFS 180
 FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRER QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
 HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
 SRIPGVPCWF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFDKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
 GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSYF 60
 LETYGAELTA NVIRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120
 ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180
 LRESQSYLVE DLEERS 195

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHCRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

DE 198 13 839 A 1

PGLAAGLATL LLPSPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPO 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

35

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

55

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

65

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLYEVSQK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60
V 61 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 284 Aminosäuren 15
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60 35
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIEGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 234 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren 45
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

65

QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

- 10 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

30 SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

60 FFRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

65

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98	
CHLNLTMFLG WSQFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60	20
ISGICFLAVF STFLPPW 77	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :	25
(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	30
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99	
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60	45
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120	
GAAAALPWPG TR 132	50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :	
(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	55
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	60
(iii) HYPOTHETISCH: ja	65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

10 AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLWF 120
PWASTLGSWP 130

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

40 RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVP EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTF S TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGPLP 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPQ KKEAEKPAVF ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVLC 308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSPQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60
IGKGSFGKVL LARHKAEEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120
FSFQTADKLY FVLQYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180

5 KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST ISTFCGIPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
 GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
 DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
 SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60
 LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
 IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVLG SAVGYLAYP LLSTA 165

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

60 GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPPEHLG 60
 CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120
 MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAQORD SEGRQAQDPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180
 GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
 65 NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDTWTSFNQE 300
 RIVDVAGPGG WNDPMLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360

DE 198 13 839 A 1

QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE KPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSPF ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60 30
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

35

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

55

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20 MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPD SELGAGDI 78

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111		
LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG	60	10
TRGPRGCGTG PGTVRHV	77	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:		15
(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		20
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		25
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112		35
PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF	60	
DFSVSFVLQI RCPNK	75	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:		40
(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		45
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		50
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113		60
DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW	60	
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK	103 65	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

5 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAEY 120
KEARLVLDV KLEA 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

55 SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVVVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAA AVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

60 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTRS RP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRRAEDEDA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
ASYGMRGSWE RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GLLLLLRSEW DPHPSRPFLC TLLPPPLRI 240
PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

SKLNSYYGNV PVIEVKKNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPI SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNR PAP ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEAAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVKWCW DYFLNCSALR 360
MADVIRAEEL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MAGRRVGAEP GPEVERRWW RRLWQLGTEC KNQHDSSEAL QVLLCHSVSR LSPFAEEHWC 60
YSSGI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120		
RGFYLFKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR	60	
GVGGSSY	67	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :		
(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren		15
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		30
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121		
AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL	60	35
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE	120	
IHENYRING	129	
		40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122 :		
(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		45
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		50
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122		60
		65

NATPQHRCFS LLSIYAVVFM DFWPNVTDKS QEVVQDFIPV LPEVCLEDGH LLLGLLLHFS 60
 AATATGSQCR SFLGLEFFLP LQAVLFNFSL SFFFGLLQPP VLSFAGLGHL LGCPLLGLQQ 120
 LLNPLRLTSH GGSDESSEKAS GLRHLEGPLG QLTQPPTICA CSLRLPS 167

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- 10 (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

30 SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60
 DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120
 YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 40 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

60 AVTSSPVAGG TFSSPVKLKG PVSLKGQHIT GFLGGTLKFS TWADVALSGG ACRVAEALGQ 60
 RTEGPGPSWL PTASQFPLPA ELFWTQDRRS GGTKRVGNKW GLFLGKKTHG SPNFEPGSAL 120
 IGLETFFSGF SPGGRPEKLN LRK 143

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

EAVGSQEGPG PSVLCPRASA TLQAPPKAT SAQVENLRVP PRKPVMCWPF RDTGPFSFTG 60
DEKVPPATGL LVTAQCAMPW PQSPAHTAQL 90

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYIM FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

15 SAAAWRAPAS RPSSTSCSPS TCSSGWEAVA CWVSASGWPP HRGASPRCPL PSRPCRLPTC 60
SSSPAPLSWP SASWAAWVPS RRTSASCSSL SGAAGWRPPS PSSSSPTRTR LTGMPSKT 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

20 (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

40 VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVD VSGGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
45 RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFITDLD FKGQLCELSC STDYRMR 357

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
55 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDT??PRTL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVS ASGGAEQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120 10
GRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

35

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQILLPS QMTAPSLEGA Q 41

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

60

QGQDKPSGLW PPGWFPCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGLP VSPILSSREV 120 65

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEFV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60
HFSRPFLRVW GEHLPRTYG GNRQGSFHPQ QGQDTLRQQQ TQEPGENTP QIGKTNQDNP 120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPS 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLK KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 60 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134	
DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADFC QATNIRLETH 60	15
GHLCGCGHQA WD 72	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:	20
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	25
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135	40
PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60	
QGGFGMT 67 45	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:	50
(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWRF TTRWTSCP GT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLRLL GWSPNHSIFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60
LLDFFFISEF LFKLSLAKFD APPEAFAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGHNHKNHGAI SMLFIRRTVC GVVITLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120

DE 198 13 839 A 1

VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCCEL NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEVVKKV NEMIVTGQYG RLFVAVVHFAS 120
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

55

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQSRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGA AKLKE L SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180
C 181

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- 5 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

25 STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
 YDPRSLYERL QEOKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120
 LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLT V KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- 35 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

55 TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHSRSRSRNR 60
 AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGR TDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
 KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- 65 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143	
KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTVEG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60	15
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120	
QTNMIVEGAK V 131	131
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:	20
(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	25
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144	40
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60	
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120	45
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144	144
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:	50
(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
	65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

10

RLHRRGTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLGRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN*

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

40

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

45

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
 VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGEVAKKEI QTTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
 SIRAFKGF L AEEKHLHVL I NNAGVMMCPY SKTADGFEMF IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180
 ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLOGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKSGSV 240 5
 TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWLF SF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL P I D 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

RGFYLPKLLK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
 GVGGSSY 67

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-

rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

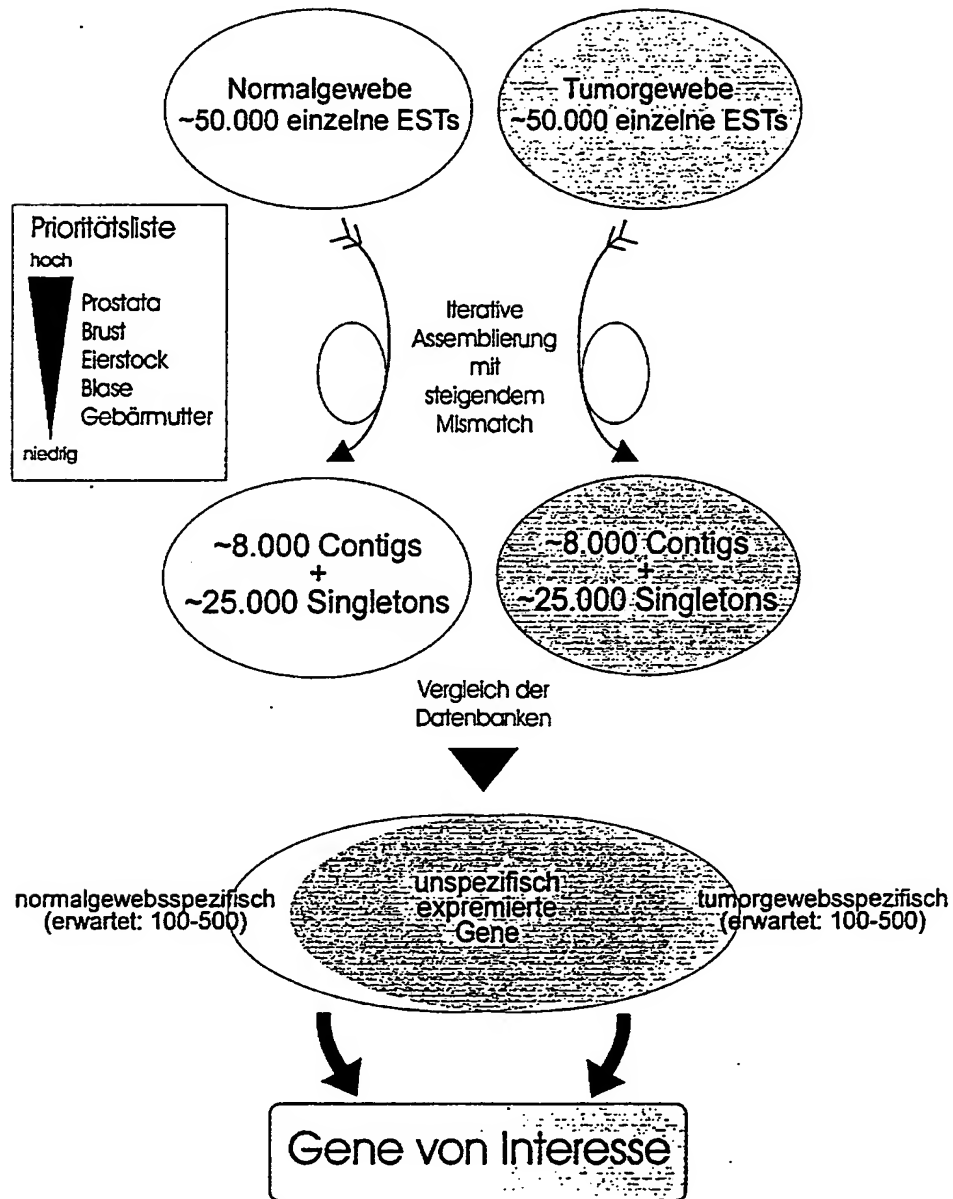


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

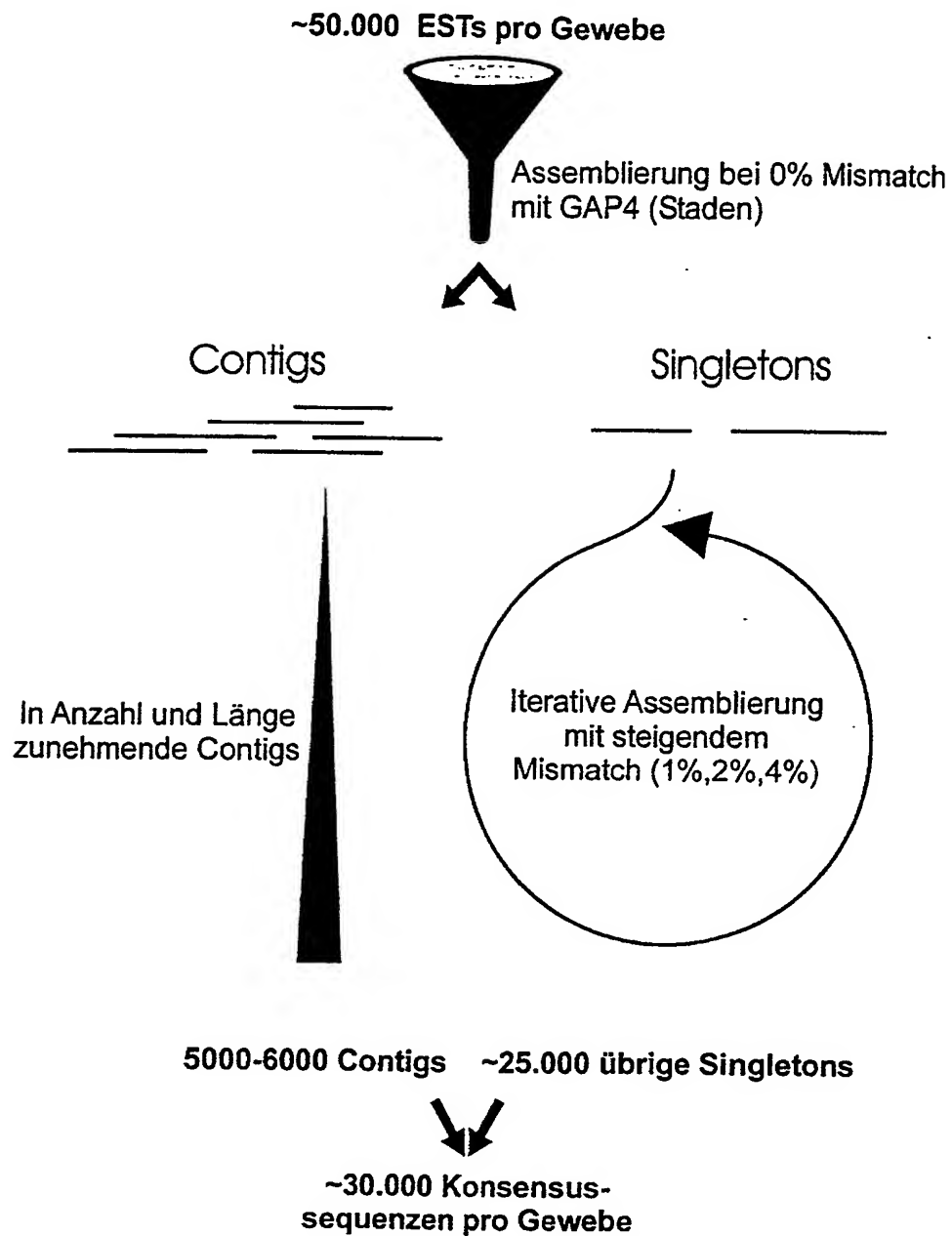


Fig. 2a

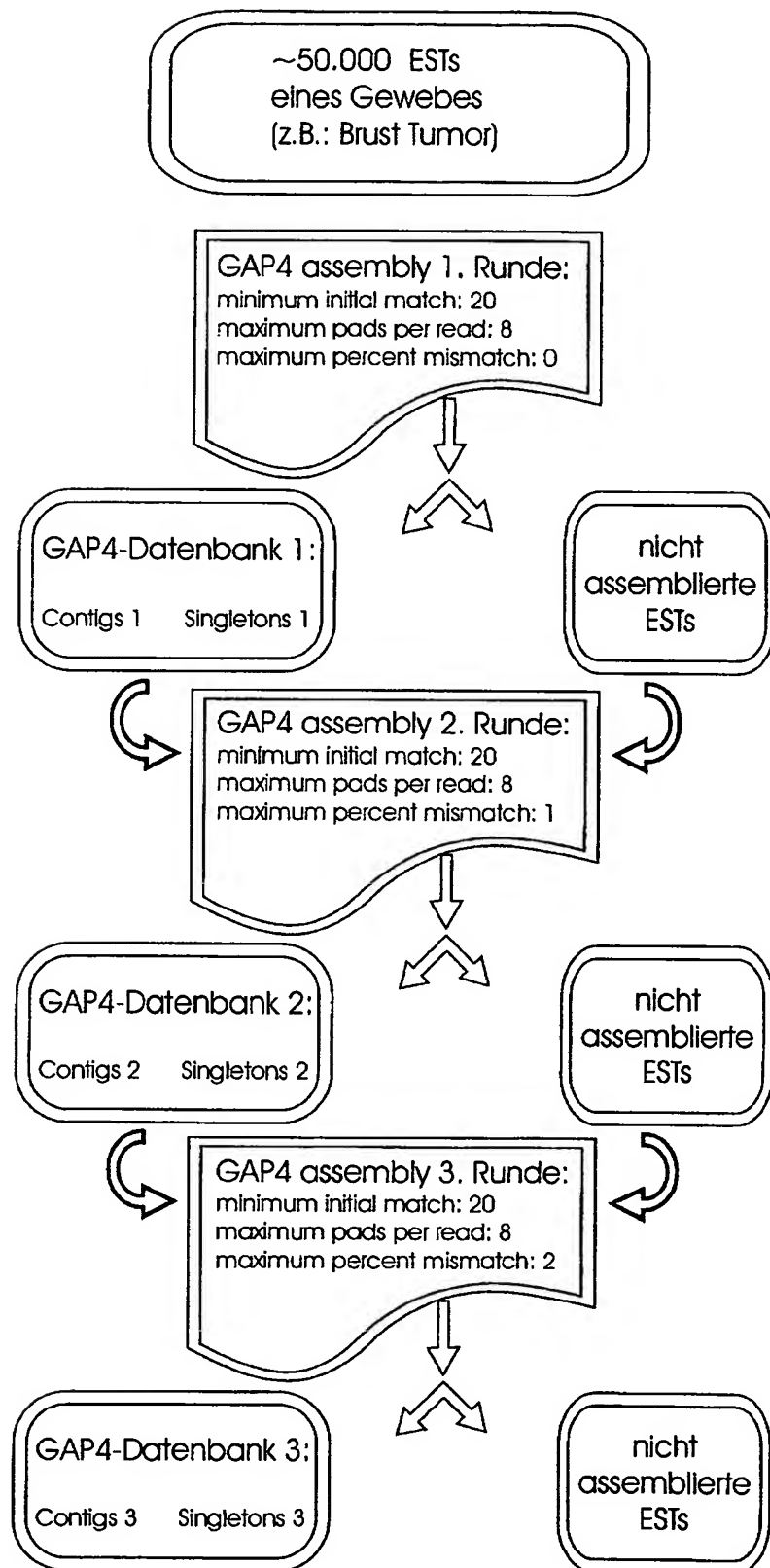


Fig. 2b1

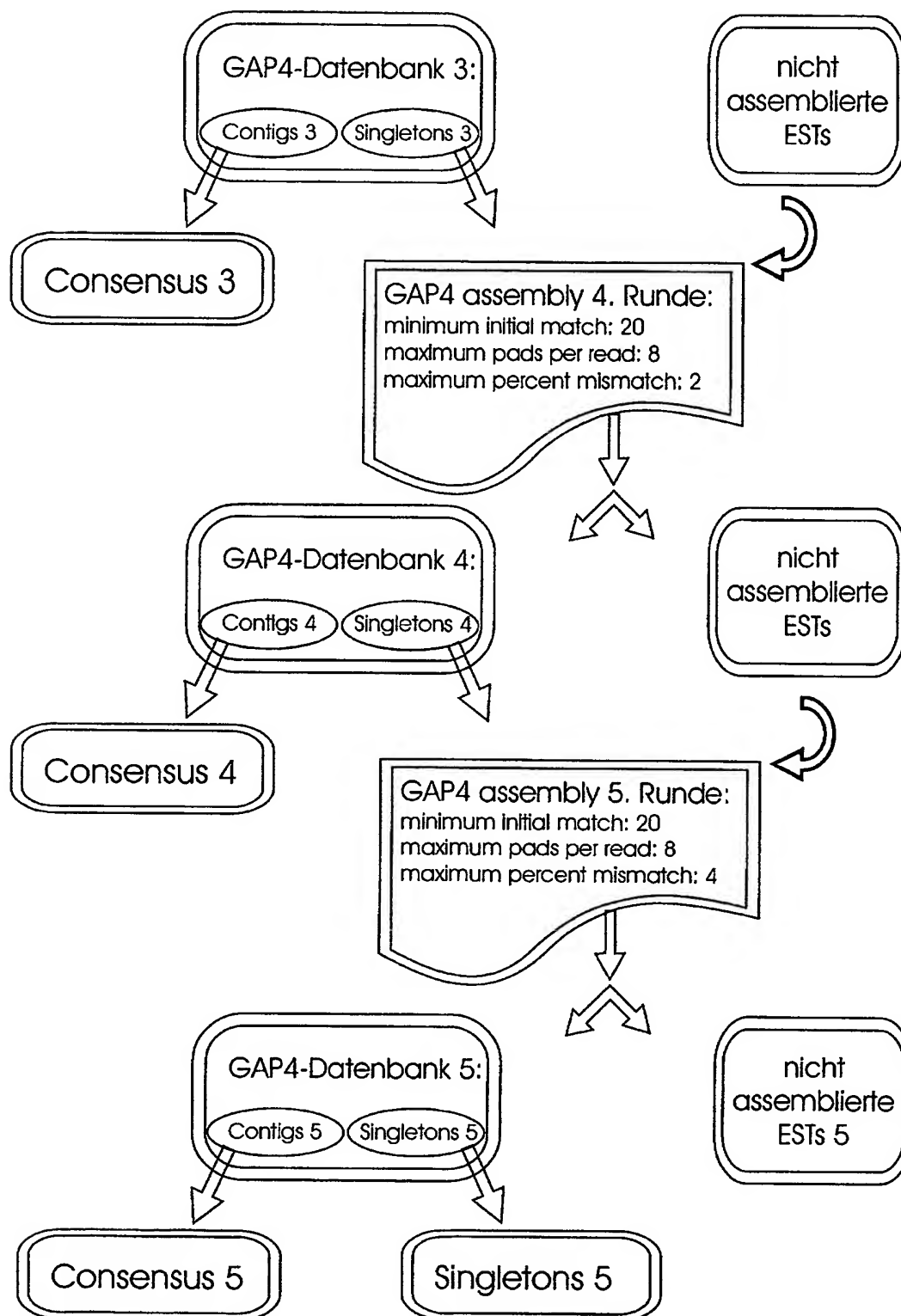


Fig. 2b2

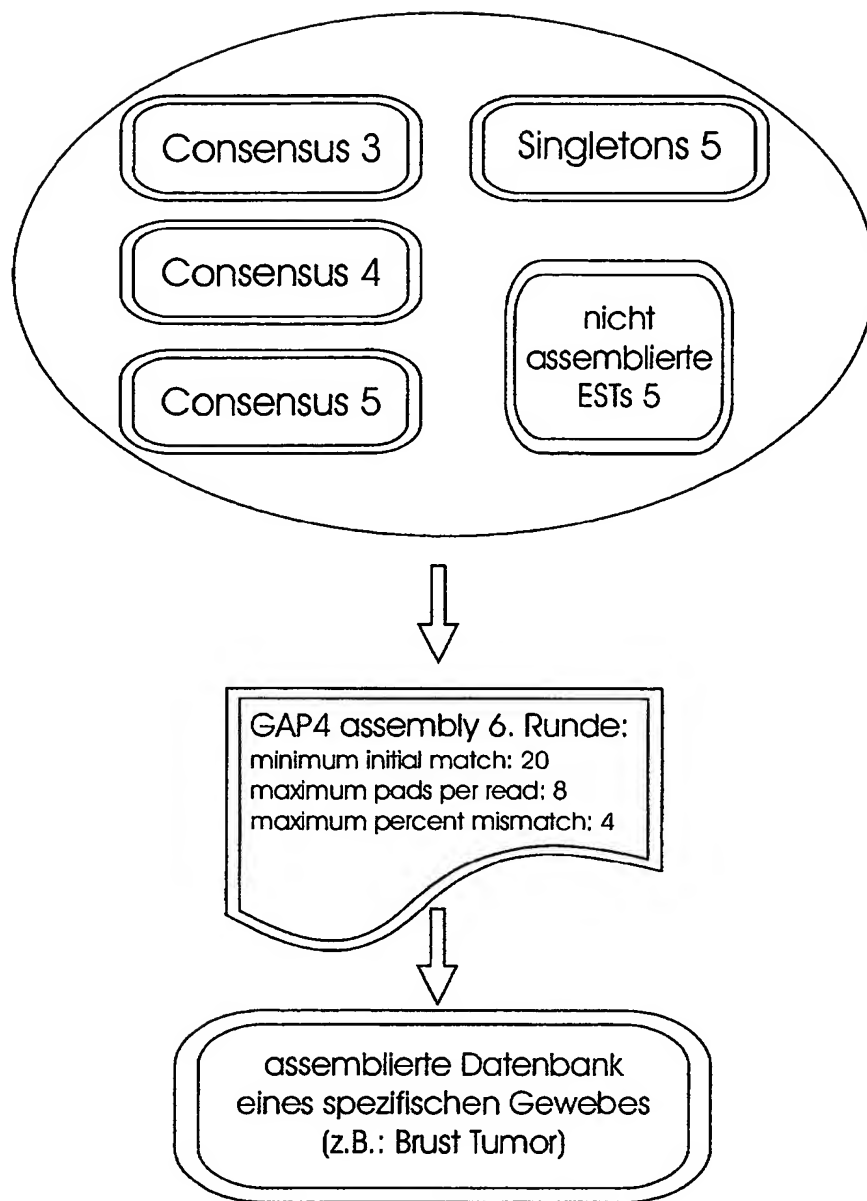


Fig. 2b3

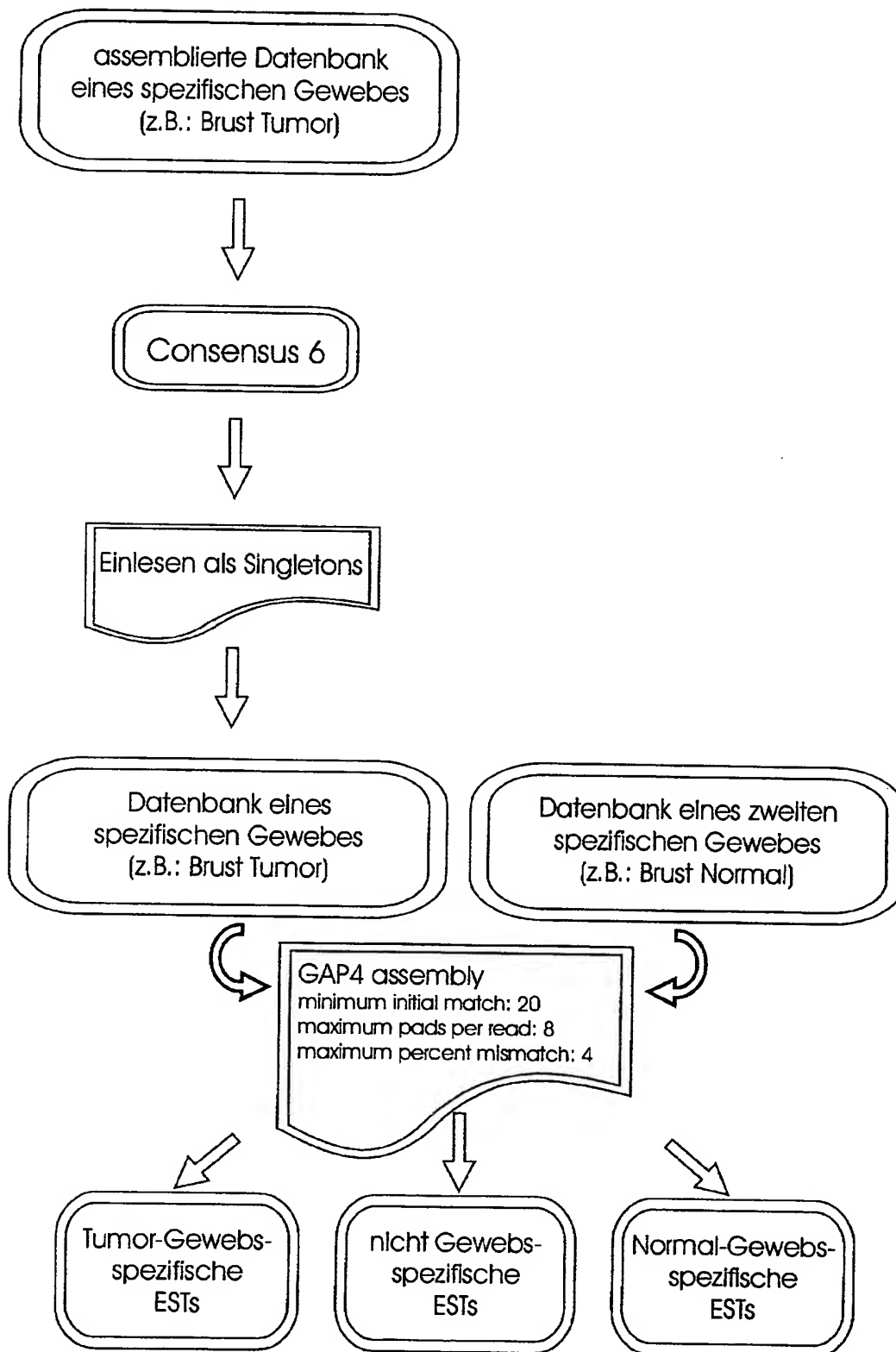


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

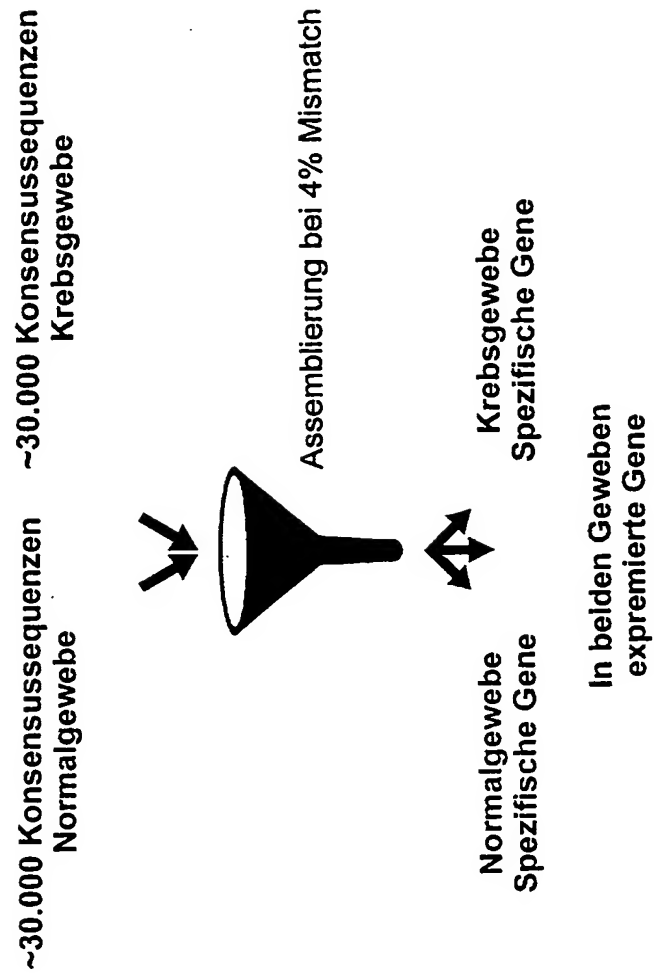


Fig. 3

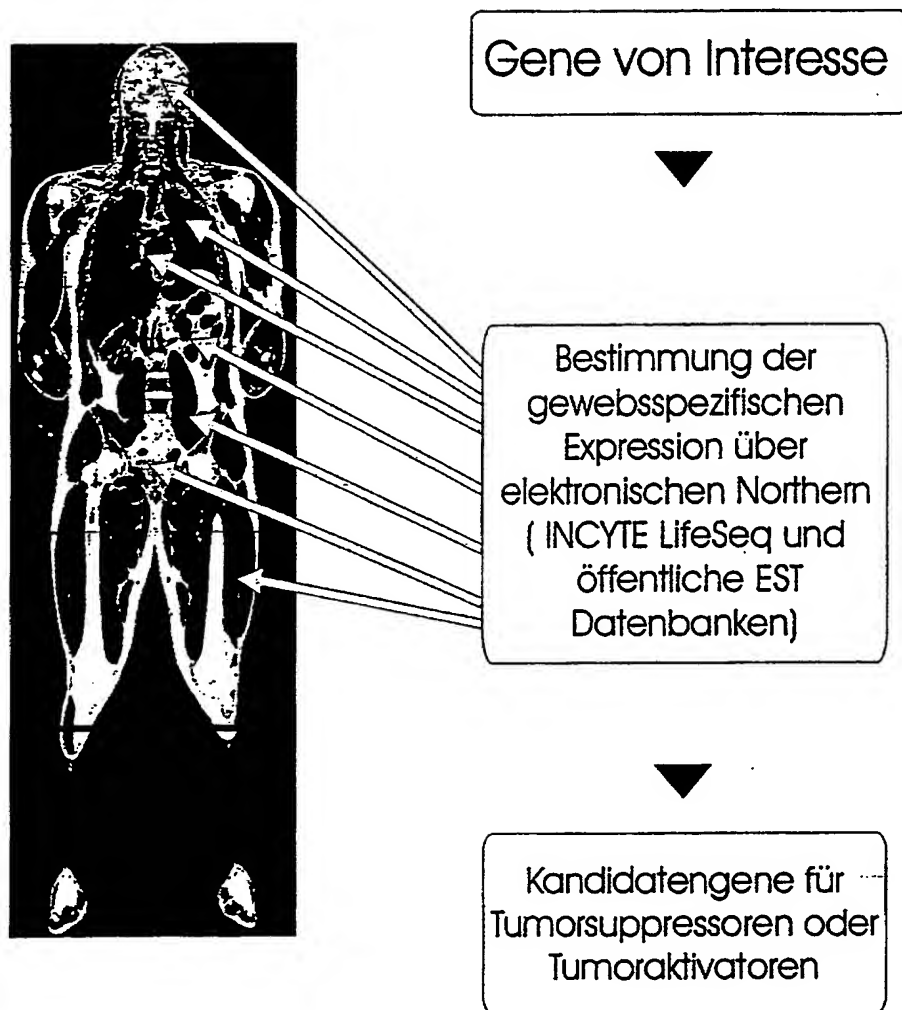


Fig. 4a

BEST AVAILABLE COPY

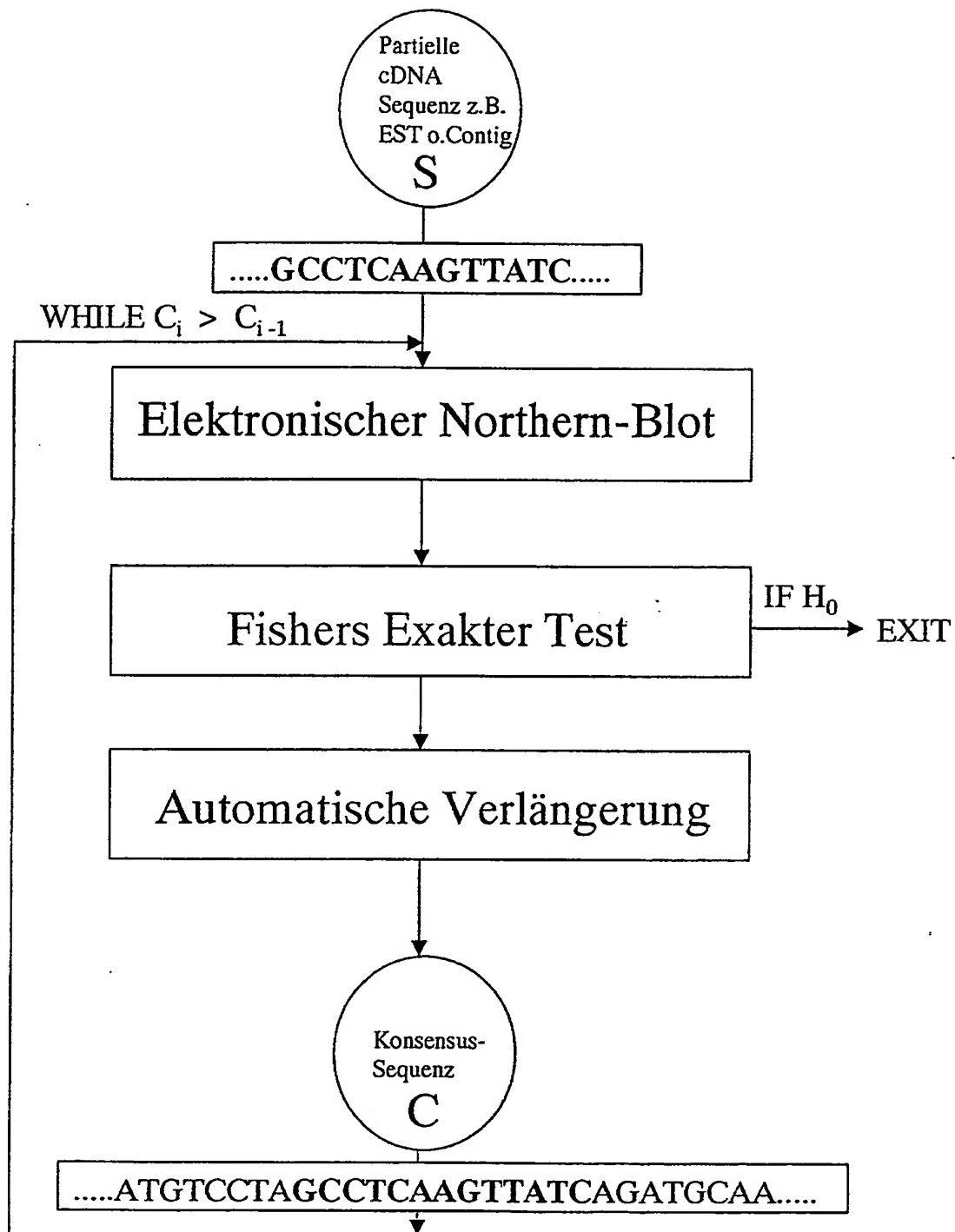


Fig. 4b

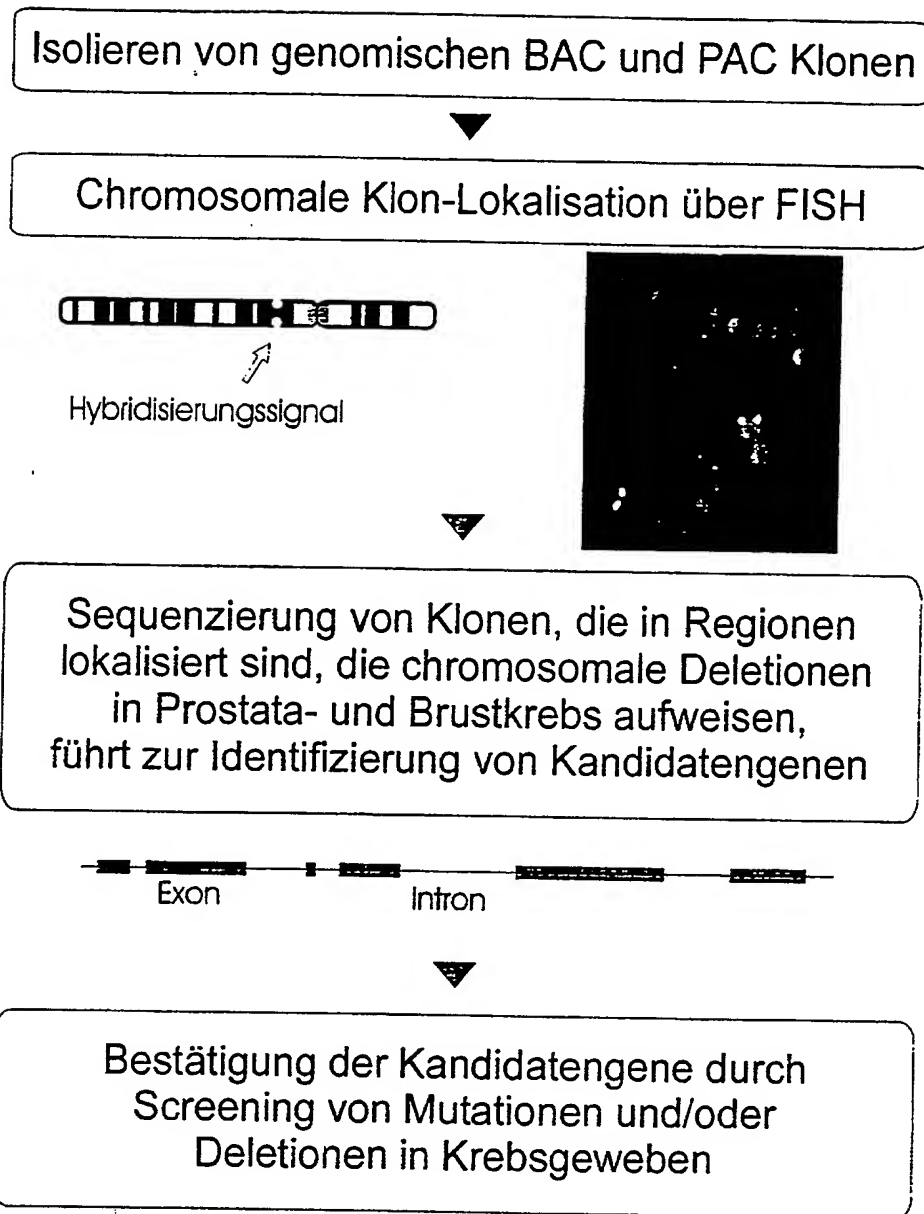


Fig. 5